

日本国特許庁
JAPAN PATENT OFFICE

1B/03/3597
10/526724
1B03 P3337
REC'D 24 SEP 2003
WIPO PCT

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出願年月日 2002年 8月30日
Date of Application:

出願番号 特願2002-319011
Application Number:
[ST. 10/C]: [JP 2002-319011]

出願人 科学技術振興事業団
Applicant(s):

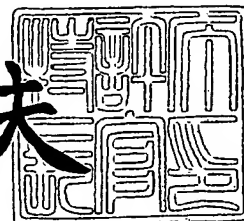
ELECTRONIC PORTION
OF THIS DOCUMENT
AVAILABLE FROM THE
INTERNATIONAL BUREAU
UPON REQUEST

PRIORITY
DOCUMENT
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

2003年 9月12日

特許庁長官
Commissioner,
Japan Patent Office

今井康夫



本証明書には以下のCD-Rが付属している。

ファイル名 : Hai001.txt
 }
 Hai003.txt

ファイルサイズ : 29.4MB

記 録 日 : 2003年9月3日

【書類名】 特許願

【整理番号】 J101378653

【提出日】 平成14年 8月30日

【あて先】 特許庁長官殿

【国際特許分類】 C12N

【発明者】

【住所又は居所】 大阪府吹田市藤白台 2 - 2 8 - 1 1

【氏名】 今中 忠行

【発明者】

【住所又は居所】 京都府京都市左京区高野清水町 4 7 - 3 - 4 2 2

【氏名】 跡見 晴幸

【特許出願人】

【識別番号】 396020800

【氏名又は名称】 科学技術振興事業団

【代理人】

【識別番号】 100078282

【弁理士】

【氏名又は名称】 山本 秀策

【選任した代理人】

【識別番号】 100062409

【弁理士】

【氏名又は名称】 安村 高明

【選任した代理人】

【識別番号】 100113413

【弁理士】

【氏名又は名称】 森下 夏樹

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 001878

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 遺伝子のターゲティング破壊法

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 生物のゲノムにおける任意の遺伝子をターゲティング破壊するための方法であって、

- 1) 該生物のゲノムの全配列の情報を提供する工程；
 - 2) 該配列の任意の少なくとも 1 つの領域を選択する工程；
 - 3) 該選択された領域と相同な配列、およびマーカー遺伝子を含むベクターを提供する工程；
 - 4) 該ベクターで該生物を形質転換する工程；および
 - 5) 該生物を相同的組換えが生じる条件下に配置する工程、
- を包含する、方法。

【請求項 2】 前記工程 2) において、前記領域は少なくとも 2 つ選択される、請求項 1 に記載の方法。

【請求項 3】 前記ベクターは、プロモーターをさらに含む、請求項 1 に記載の方法。

【請求項 4】 前記マーカー遺伝子の発現産物を検出する工程をさらに包含する、請求項 1 に記載の方法。

【請求項 5】 前記マーカー遺伝子は、前記選択された領域内に配置される、請求項 1 に記載の方法。

【請求項 6】 前記マーカー遺伝子は、前記選択された領域の外に配置される、請求項 1 に記載の方法。

【請求項 7】 前記ゲノムは、*Thermococcus kodakaraensis* KOD1 のゲノムである、請求項 1 に記載の方法。

【請求項 8】 前記ゲノムは、配列番号 1 または 1087 に示される配列を有する、請求項 1 に記載の方法。

【請求項 9】 前記領域は、配列番号 2～341、343～722、724～1086、1088～1468、1470～1837、および 1839～2157 からなる群より選択される少なくとも 1 つの配列をコードする配列を含む、

請求項 1 に記載の方法。

【請求項 10】 配列番号 1 または 1087 に示される配列を有する、核酸分子。

【請求項 11】 配列番号 1 または 1087 に示される配列の少なくとも 8 の連続する核酸配列を含む、核酸分子。

【請求項 12】 配列番号 2～341、343～722、724～1086、1088～1468、1470～1837、および 1839～2157 からなる群より選択される少なくとも 1 つのアミノ酸配列またはその配列と少なくとも 70% 相同である配列をコードする配列を含む、核酸分子。

【請求項 13】 配列番号 2～341、343～722、724～1086、1088～1468、1470～1837、および 1839～2157 からなる群より選択される少なくとも 1 つのアミノ酸配列またはその配列と少なくとも 70% 相同である配列を含む、ポリペプチド。

【請求項 14】 配列番号 2～341、343～722、724～1086、1088～1468、1470～1837、および 1839～2157 からなる群より選択される少なくとも 1 つのアミノ酸配列またはその配列と少なくとも 70% 相同である配列の少なくとも 3 つの連続するアミノ酸配列を含む、ポリペプチド。

【請求項 15】 耐熱性タンパク質をスクリーニングする方法であって、

- 1) 耐熱性生物のゲノムの全配列を提供する工程；
- 2) 該配列の任意の少なくとも 1 つの領域を選択する工程；
- 3) 該選択された領域と相同な配列、および該耐熱性タンパク質の候補をコードする遺伝子を含むベクターを提供する工程；
- 4) 該ベクターで該生物を形質転換する工程；
- 5) 該耐熱性生物を相同的組換えが生じる条件下に配置する工程；
- 6) 相同的組換えが起きた該耐熱性生物を選択する工程；および
- 7) 該耐熱性タンパク質を同定するアッセイを行う工程、

を包含する、方法。

【請求項 16】 耐熱性タンパク質をスクリーニングするキットであって、

1) 耐熱性生物；ならびに

2) 該耐熱性生物において選択されたある領域と相同な配列、および該耐熱性タンパク質の候補をコードする遺伝子を含むベクター、
を備える、キット。

【請求項 17】

3) 前記耐熱性タンパク質を同定するためのアッセイシステム、
をさらに備える、請求項 16 に記載のキット。

【請求項 18】 前記耐熱性生物は、超好熱始原菌である、請求項 16 に記載のキット。

【請求項 19】 前記耐熱性生物は、*Thermococcus kodakaraensis* KOD1 である、請求項 16 に記載のキット。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、ゲノム遺伝学に関する。より詳細には、本発明は、超好熱始原菌のゲノムに関する。本発明はまた、新規のゲノム中の遺伝子ターゲティング破壊のための方法に関する。

【0002】

【従来の技術】

超好熱始原菌は、高温で生存するので、この微生物が生産するタンパク質（例えば、酵素）は、一般に高度に耐熱性である（すなわち、構造的に安定である）。さらに、超好熱始原菌が属する始原菌は従来から知られていた原核生物および真核生物とは異なる生物であると提唱されていることから明らかなように、進化的にもこれらの生物とは異なる。従って、たとえ原核生物および真核生物に由来する公知の酵素などと類似の機能を有していても、超好熱始原菌由来の酵素は、構造的にも酵素学的にも従来の酵素とは異なる場合が多い。例えば、超好熱始原菌 KOD-1 株 (*Thermococcus kodakaraensis* KOD1、以下 KOD1 または KOD1 株ともいう；Morikawa, M. ら, Appl. Environ. Microbiol. 60 (12),

4559-4566 (1994)) から単離されたシャペロニン、*Escherichia coli* 由来の GroEL と同様の機能を有している。しかし、GroEL がこれ自体が 14 量体を形成し、さらに 7 量体を形成している GroES とともに複合体を形成して機能するのに対し、KOD-1 株由来のシャペロニンは単独で機能する (Yan, Zら、Appl. Environ. Microbiol. 63:785-789)。

【0003】

一方、遺伝子のターゲティング破壊のための方法として従来プラスミドを用いた遺伝子破壊が知られている (Bartolucci S., Third International Congress on Extremophiles Hamburg, Germany, September 3-7, 2000)。Bartolucci の方法は、耐熱性菌を用いた組換えタンパク質の同種および異種の発現系を利用する。この方法では、ターゲティングした遺伝子が確実に破壊されるかどうか不定で、効率よいターゲティング破壊ができるとは言えない。

【0004】

したがって、一部の遺伝子のみの情報を基にした遺伝子ターゲティングにはおのずから限界がある。

【0005】

【発明が解決しようとする課題】

したがって、本発明は、上記状況に鑑み、生物のゲノムの任意の場所で効率よく確実な遺伝子ターゲティングの方法およびそのためのキットを提供することを課題とする。

【0006】

【課題を解決するための手段】

上記課題は、ある生物のゲノムの全配列の情報を利用し、染色体自体の一部をターゲティングすることによって解決された。本発明では特に、あるゲノム配列の一例として、耐熱性菌の一つである *Thermococcus kodakaraensis* KOD1 株のゲノムの全配列を決定し、上記方法が効率よくか

つ確実に実施され得ることを実証した。

【0 0 0 7】

したがって、本発明は、以下を提供する。

【0 0 0 8】

(1) 生物のゲノムにおける任意の遺伝子をターゲティング破壊するための方法であって、

- 1) 該生物のゲノムの全配列の情報を提供する工程；
 - 2) 該配列の任意の少なくとも 1 つの領域を選択する工程；
 - 3) 該選択された領域と相同な配列、およびマーカー遺伝子を含むベクターを提供する工程；
 - 4) 該ベクターで該生物を形質転換する工程；および
 - 5) 該生物を相同的組換えが生じる条件下に配置する工程、
- を包含する、方法。

【0 0 0 9】

(2) 前記工程 2) において、前記領域は少なくとも 2 つ選択される、項目 1 に記載の方法。

【0 0 1 0】

(3) 前記ベクターは、プロモーターをさらに含む、項目 1 に記載の方法。

【0 0 1 1】

(4) 前記マーカー遺伝子の発現産物を検出する工程をさらに包含する、項目 1 に記載の方法。

【0 0 1 2】

(5) 前記マーカー遺伝子は、前記選択された領域内に配置される、項目 1 に記載の方法。

【0 0 1 3】

(6) 前記マーカー遺伝子は、前記選択された領域の外に配置される、項目 1 に記載の方法。

【0 0 1 4】

(7) 前記ゲノムは、*Thermococcus kodakaraensis*

i s KOD1のゲノムである、項目1に記載の方法。

【0015】

(8) 前記ゲノムは、配列番号1または1087に示される配列を有する、項目1に記載の方法。

【0016】

(9) 前記領域は、配列番号2～341、343～722、724～1086、1088～1468、1470～1837、および1839～2157からなる群より選択される少なくとも1つの配列をコードする配列を含む、項目1に記載の方法。

【0017】

(10) 配列番号1または1087に示される配列を有する、核酸分子。

【0018】

(11) 配列番号1または1087に示される配列の少なくとも8の連続する核酸配列を含む、核酸分子。

【0019】

(12) 配列番号2～341、343～722、724～1086、1088～1468、1470～1837、および1839～2157からなる群より選択される少なくとも1つのアミノ酸配列またはその配列と少なくとも70%相同である配列をコードする配列を含む、核酸分子。

【0020】

(13) 配列番号2～341、343～722、724～1086、1088～1468、1470～1837、および1839～2157からなる群より選択される少なくとも1つのアミノ酸配列またはその配列と少なくとも70%相同である配列を含む、ポリペプチド。

【0021】

(14) 配列番号2～341、343～722、724～1086、1088～1468、1470～1837、および1839～2157からなる群より選択される少なくとも1つのアミノ酸配列またはその配列と少なくとも70%相同である配列の少なくとも3つの連続するアミノ酸配列を含む、ポリペプチド。

【0022】

(15) 耐熱性タンパク質をスクリーニングする方法であって、

- 1) 耐熱性生物のゲノムの全配列を提供する工程；
- 2) 該配列の任意の少なくとも1つの領域を選択する工程；
- 3) 該選択された領域と相同な配列、および該耐熱性タンパク質の候補をコードする遺伝子を含むベクターを提供する工程；
- 4) 該ベクターで該生物を形質転換する工程；
- 5) 該耐熱性生物を相同的組換えが生じる条件下に配置する工程；
- 6) 相同的組換えが起きた該耐熱性生物を選択する工程；および
- 7) 該耐熱性タンパク質を同定するアッセイを行う工程、

を包含する、方法。

【0023】

(16) 耐熱性タンパク質をスクリーニングするキットであって、

- 1) 耐熱性生物；ならびに
- 2) 該耐熱性生物において選択されたある領域と相同な配列、および該耐熱性タンパク質の候補をコードする遺伝子を含むベクター、

を備える、キット。

【0024】

(17)

- 3) 前記耐熱性タンパク質を同定するためのアッセイシステム、

をさらに備える、項目16に記載のキット。

【0025】

(18) 前記耐熱性生物は、超好熱始原菌である、項目16に記載のキット。

【0026】

(19) 前記耐熱性生物は、*Thermococcus kodakaraensis* KOD1である、項目16に記載のキット。

【0027】

【発明の実施の形態】

以下、本発明を説明する。本明細書の全体にわたり、単数形の表現は、特に言及しない限り、その複数形の概念をも含むことが理解されるべきである。また、本明細書において使用される用語は、特に言及しない限り、当該分野で通常用いられる意味で用いられることが理解されるべきである。

【0028】

以下に本明細書において特に使用される用語の定義を列挙する。

【0029】

本明細書において用いられる「生物」とは、当該分野における最も広義に用いられ、生命現象を営むものであって、ゲノムを含むものをいう。生物には、原核生物（例えば、大腸菌、超好熱始原菌など）、真核生物（例えば、植物、動物など）などが包含されるがそれらに限定されない。

【0030】

本明細書において、「ゲノム」とは、生物が生命活動を営むために欠くことのできない染色体の1組の遺伝子群をいう。細菌、ファージ、ウイルスなどのような一倍体の生物では、それらの種を規定する遺伝情報を担う1つのDNA分子またはRNA分子そのものがゲノムに相当する。他方、多くの真核生物にみられるような二倍体の生物では生殖細胞に1組のゲノム（例えば、ヒトでは23、マウスでは20の染色体）を有し、体細胞中に2組のゲノムを有する。

【0031】

本明細書において「遺伝子」とは、遺伝形質を規定する因子をいう。通常染色体上に一定の順序に配列している。タンパク質の一次構造を規定する構造遺伝子といい、その発現を左右するものを調節遺伝子という。本明細書では、「遺伝子」は、「ポリヌクレオチド」、「オリゴヌクレオチド」および「核酸」と同義で用いられ得る。本明細書において場合によっては、「遺伝子」は、「タンパク質」「ポリペプチド」、「オリゴペプチド」および「ペプチド」をさすことがある。

【0032】

本明細書において「ターゲティング」とは、遺伝子のターゲティング破壊について使用される場合、特定の遺伝子を標的とすることをいう。

【0033】

本明細書において遺伝子の「相同性」とは、2以上の遺伝子配列の、互いに対する同一性の程度をいう。従って、ある2つの遺伝子の相同性が高いほど、それらの配列の同一性または類似性は高い。2種類の遺伝子が相同性を有するか否かは、配列の直接の比較、または核酸の場合ストリンジェントな条件下でのハイブリダイゼーション法によって調べられ得る。2つの遺伝子配列を直接比較する場合、その遺伝子配列間でDNA配列が、代表的には少なくとも50%同一である場合、好ましくは少なくとも70%同一である場合、より好ましくは少なくとも80%、90%、95%、96%、97%、98%または99%同一である場合、それらの遺伝子は相同性を有する。

【0034】

本明細書では塩基配列の同一性の比較および相同性の算出は、配列分析用ツールであるBLASTを用いてデフォルトパラメータを用いて算出される。本明細書においてアミノ酸配列の同一性の比較および相同性の算出もまた、配列分析用のツールであるBLASTXを用いてデフォルトパラメータを用いて算出される。

【0035】

アミノ酸は、その一般に公知の3文字記号か、またはIUPAC-IUB Biochemical Nomenclature Commissionにより推奨される1文字記号のいずれかにより、本明細書中で言及され得る。ヌクレオチドも同様に、一般に受け入れられた1文字コードにより言及され得る。

【0036】

本明細書において、「フラグメント」とは、全長のポリペプチドまたはポリヌクレオチド（長さが n ）に対して、 $1 \sim n-1$ までの配列長さを有するポリペプチドまたはポリヌクレオチドをいう。フラグメントの長さは、その目的に応じて、適宜変更することができ、例えば、その長さの下限としては、ポリペプチドの場合、3、4、5、6、7、8、9、10、15、20、25、30、40、50およびそれ以上のアミノ酸が挙げられ、ここの具体的に列挙していない整数で表される長さ（例えば、11など）もまた、下限として適切であり得る。また、

ポリヌクレオチドの場合、5、6、7、8、9、10、15、20、25、30、40、50、75、100およびそれ以上のヌクレオチドが挙げられ、この具体的に列挙していない整数で表される長さ（例えば、11など）もまた、下限として適切であり得る。

【0037】

本明細書において「生物学的活性」とは、ある因子（例えば、ポリペプチドまたはタンパク質）が、生体内において有し得る活性のことをいい、種々の機能を発揮する活性が包含される。例えば、ある因子が酵素である場合、その生物学的活性は、その酵素活性を包含する。別の例では、ある因子がリガンドである場合、そのリガンドが対応するレセプターへの結合を包含する。

【0038】

本明細書において、配列が「相同」であるとは、相同的組換えが起こる程度に相同性が高いことをいう。したがって、配列が「相同」であるかどうかは、染色体の変異を相補し得るDNAを生細胞内に導入し、生体内遺伝子組み換えを起こさせることにより調べることができる。そのような相同であるかどうかを調べるアッセイには、そのような相補し得るDNAの組み込みを表原型（たとえば、緑色蛍光タンパク質であれば、緑色の蛍光）を調べることによって確認する方法がある。したがって、配列が相同であるためには、代表的には、2つの配列の間の相同性が互いに少なくとも約70%相同であり、好ましくは少なくとも約80%相同であり、より好ましくは少なくとも約90%相同であり、さらにより好ましくは少なくとも約95%相同であり、もっとも好ましくは少なくとも約99%相同であり得る。

【0039】

本明細書において配列の「領域」とは、その配列において一定の長さを持った部分をいう。そのような領域は、一般に、ある機能を有することが多い。本発明のターゲティング破壊のために用いられる場合、配列の「領域」は、その長さが少なくとも約10ヌクレオチドであり、好ましくは、少なくとも約15ヌクレオチドであり、より好ましくは、少なくとも約20ヌクレオチドであり、さらに好ましくは少なくとも約30ヌクレオチドであり、さらに好ましくは少なくとも約

50ヌクレオチドであり得る。好ましくは、そのような領域は、遺伝子の機能を担う部分を含み得る。ある好ましい実施形態では、配列の「領域」は、1または2以上の遺伝子であり得る。

【0040】

本明細書において、「マーカー遺伝子」とは、遺伝学的解析で標識（マーカー）として用いられる遺伝子をいう。標識遺伝子としては、通常、その機能の詳細よりも変異形質が明確で検出が容易なものが用いられる。薬剤耐性の遺伝子のほか、微生物では生化学的形質（栄養要求性など）の遺伝子がよく用いられ、形態学的形質の遺伝子もまた用いられ得る。薬剤耐性遺伝子としては、例えば、カナマイシン耐性遺伝子、ハイグロマイシン耐性遺伝子、アンピリシン耐性遺伝子、クロラムフェニコール耐性遺伝子、ストレプトマイシン耐性遺伝子などが挙げられるがそれらに限定されない。

【0041】

本明細書において「ベクター」とは、目的のポリヌクレオチド配列を目的の細胞へと移入させることができるものをいう。そのようなベクターとしては、原核生物細胞、酵母、動物細胞、植物細胞、昆虫細胞、動物個体および植物個体等の宿主細胞において自律複製が可能であるか、または染色体中への組込みが可能で、本発明のポリヌクレオチドの転写に適した位置にプロモーターを含有しているものが例示される。好ましくは、そのようなベクターは、*Thermococcus kodakaraensis* KOD1内で自律複製可能なものが挙げられる。

【0042】

「発現ベクター」は、構造遺伝子およびその発現を調節するプロモーターに加えて種々の調節エレメントが宿主の細胞中で作動し得る状態で連結されている核酸配列をいう。調節エレメントは、好ましくは、ターミネーター、薬剤耐性遺伝子（例えば、カナマイシン耐性遺伝子、ハイグロマイシン耐性遺伝子など）のような選択マーカーおよび、エンハンサーを含み得る。生物（例えば、植物）の発現ベクターのタイプおよび使用される調節エレメントの種類が、宿主細胞に応じて変わり得ることは、当業者に周知の事項である。植物の場合、本発明に用いる

植物の発現ベクターはさらにT-DNA領域を有し得る。T-DNA領域は、特にアグロバクテリウムを用いてその植物を形質転換する場合に遺伝子の導入の効率を高める。

【0043】

「組換えベクター」とは、目的のポリヌクレオチド配列を目的の細胞へと移入させることができるベクターをいう。そのようなベクターとしては、原核細胞、酵母、動物細胞、植物細胞、昆虫細胞、動物個体および植物個体等の宿主細胞において自立複製が可能、または染色体中への組込みが可能で、本発明のポリヌクレオチドの転写に適した位置にプロモーターを含有しているものが例示される。

【0044】

原核細胞に対する「組換えベクター」としては、pBTrp2、pBTac1、pBTac2（いずれもRoche Molecular Biochemicalsより市販）、pKK233-2（Pharmacia）、pSE280（Invitrogen）、pGEMEX-1（Promega）、pQE-8（QIAGEN）、pKYP10（特開昭58-110600）、pKYP200（Agric. Biol. Chem., 48, 669（1984））、pLSA1（Agric. Biol. Chem., 53, 277（1989））、pGEL1（Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 82, 4306（1985））、pBluescript II SK+（Stratagene）、pBluescript II SK（-）（Stratagene）、pTrs30（FERM BP-5407）、pTrs32（FERM BP-5408）、pGHA2（FERM BP-400）、pGKA2（FERM B-6798）、pTerm2（特開平3-22979、US4686191、US4939094、US5160735）、pEG400 [J. Bacteriol., 172, 2392（1990）]、pGEX（Pharmacia）、pETシステム（Novagen）、pSupex、pUB110、pTP5、pC194、pTrxFus（Invitrogen）、pMAL-c2（New England Biolabs）、pUC19 [Gene, 33, 103（1985）]、pSTV28（宝酒造）、pUC118（宝酒造）、pPA1（

特開昭 63-233798) などが例示される。

【0045】

本明細書において用いられる「プロモーター」とは、遺伝子の転写の開始部位を決定し、またその頻度を直接的に調節する DNA 上の領域をいい、RNA ポリメラーゼが結合して転写を始める塩基配列である。プロモーターの領域は、通常、推定タンパク質コード領域の第 1 エキシソンの上流約 2 k b p 以内の領域であることが多いので、DNA 解析用ソフトウェアを用いてゲノム塩基配列中のタンパク質コード領域を予測すれば、プロモーター領域を推定することはできる。推定プロモーター領域は、構造遺伝子ごとに変動するが、通常構造遺伝子の上流にあるが、これらに限定されず、構造遺伝子の下流にもあり得る。好ましくは、推定プロモーター領域は、第一エキソン翻訳開始点から上流約 2 k b p 以内に存在する。

【0046】

「ターミネーター」は、遺伝子のタンパク質をコードする領域の下流に位置し、DNA が mRNA に転写される際の転写の終結、ポリ A 配列の付加に参与する配列である。

【0047】

本発明を利用する場合、ベクターの導入方法としては、細胞に核酸分子を導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、トランスフェクション、形質導入、形質転換（塩化カルシウム法、エレクトロポレーション法（特開昭 60-251887）、パーティクルガン（遺伝子銃）法（特許第 2606856、特許第 2517813）等）が例示される。

【0048】

本明細書において「形質転換体」とは、形質転換によって作製された細胞などの生命体の全部または一部をいう。形質転換体としては、原核細胞、酵母、動物細胞、植物細胞、昆虫細胞等が例示される。形質転換体は、その対象に依存して、形質転換細胞、形質転換組織、形質転換宿主などともいわれ、本明細書においてそれらの形態をすべて包含するが、特定の文脈において特定の形態を指し得る。

【0049】

本明細書において「相同的組換え」とは、1対の二本鎖DNAの相同的な塩基配列を有する部分に起こる組換えをいう。生体内では染色体乗換えなどの形で見られる。

【0050】

本明細書において「相同的組換えが生じる条件」とは、ゲノムを有するある生物、およびそのゲノムの配列の任意の少なくとも1つの領域と相同な配列を有する核酸分子が存在する場合に、相同的組換えが生じる条件をいう。そのような条件は、生物によってこととなるが、当業者には周知である。そのような条件としては、たとえば、

Tk-pyrF欠損株No. 25、No. 27をASW-YT液体培地20mlで培養

↓

1 サンプルにつき培養液3mlより集菌 (No. 25、No. 27各5サンプル)

↓

0.8×ASW+80mM CaCl₂ 200 μ lに懸濁し、氷上で30min静置

↓

pUC118/DS、pUC118/DDを3 μ g混合し、氷上で1h静置

(同一サンプルを2つずつ。ControlにはTE bufferを等量加えた)

↓

85℃、45sでheat shock

↓

氷上で10min静置

↓

Ura—ASW-AA液体培地で前培養 (持ち込みのウラシルにより増殖)

↓

Ura—ASW-AA液体培地で培養 (PyrF+株を濃縮)

↓

Ura—ASW-AA固体培地で培養

という条件が挙げられるがそれらに限定されない。ここで、上記ASW (人工海

水)の組成は以下のとおりである: 1×人工海水 (Artificial sea water (ASW))
(/L): NaCl 20g; $MgCl_2 \cdot 6H_2O$ 3g; $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ 6g; $(NH_4)_2SO_4$ 1g; $NaHCO_3$ 0.2g;
; $CaCl_2 \cdot 2H_2O$ 0.3g; KCl 0.5g; NaBr 0.05g; $SrCl_2 \cdot 6H_2O$ 0.02g; および $Fe(NH_4)$
クエン酸 0.01g。

【0051】

相同的組換えは、ゲノムとベクターとの間の少なくとも1つの領域が相同であれば生じ得るが、好ましくは、ゲノムとベクターとの間の相同な領域は2つあることが好ましい。

【0052】

本明細書において「クロスオーバー」または「交差」とは、染色体について私用されるとき、対合している一对の相同染色体が途中からつなぎ変わり、新たな核酸配列の組合わせを生じることをいう。

【0053】

本明細書において「シングルクロスオーバー」とは、染色体について私用されるとき、クロスオーバーを起こす核酸分子同士の間には1箇所相同な領域を有し、その箇所でのみクロスオーバーが起き、結果として一方の核酸配列が他方に組み込まれることをいう。

【0054】

本明細書において「ダブルクロスオーバー」とは、染色体について私用されるとき、クロスオーバーを起こす核酸分子同士の間には2箇所相同な領域を有し、その相同な領域の間の核酸配列が他方に入れ替わることをいう。

【0055】

本明細書において遺伝子、ポリヌクレオチド、ポリペプチドなどの「発現」とは、その遺伝子などがインビボで一定の作用を受けて、別の形態になることをいう。好ましくは、遺伝子、ポリヌクレオチドなどが、転写および翻訳されて、ポリペプチドの形態になることをいうが、転写されてmRNAが作製されることもまた発現の一態様であり得る。より好ましくは、そのようなポリペプチドの形態は、翻訳後プロセッシングを受けたものであり得る。

【0056】

本明細書において遺伝子の「発現産物」とは、遺伝子の発現の結果生じる物質をいい、転写産物である mRNA など、翻訳産物であるポリペプチドおよびその翻訳後修飾物であるポリペプチドなどが挙げられる。そのような発現産物の検出は、直接的または間接的であり得、そのような検出は当該分野において周知の技術（たとえば、サザンブロット、ノーザンブロットなど）によって行われ得る。そのような技術は本明細書において他の場所においても説明されており、他の場所において引用された文献にも記載されている。

【0057】

本明細書においてポリペプチドを製造する方法としては、例えば、そのポリペプチドを産生する初代培養細胞または株化細胞を培養し、培養上清などから単離または精製することによりそのポリペプチドを得る方法が挙げられる。あるいは、遺伝子操作手法を利用して、そのポリペプチドをコードする遺伝子を適切な発現ベクターに組み込み、これを用いて発現宿主を形質転換し、この形質転換細胞の培養上清または細胞抽出物から組換えポリペプチドを得ることができる。上記宿主細胞は、生理活性を保持するポリペプチドを発現するものであれば、特に限定されず、従来から遺伝子操作において利用される各種の宿主細胞（例えば、大腸菌、酵母、動物細胞など）を用いることが可能である。組換え宿主細胞を培養する条件は、使用される宿主細胞の種類に依存して適切に選択される。宿主細胞としては、組換え DNA 技術において使用可能な任意の宿主細胞が使用され得る。これらは例えば、細菌細胞、酵母細胞、動物細胞、植物細胞および昆虫細胞などを包含する。好ましい宿主細胞は細菌細胞である。このようにして得られた細胞に由来するポリペプチドは、天然型のポリペプチドと実質的に同一の作用を有する限り、アミノ酸配列中の 1 以上のアミノ酸が置換、付加および／または欠失していてもよく、糖鎖が置換、付加および／または欠失していてもよい。発現産物が細胞外に分泌される場合は、例えば培養物を遠心分離またはろ過することによって上清を得、これを直接精製するかあるいは沈澱法または限外ろ過などにより濃縮してから精製する。発現産物が細胞中に蓄積される場合は、細胞を、細胞壁溶解酵素、浸透圧の変化、ガラスビーズ、ホモジナイザーまたは超音波処理などを用いて破壊して細胞抽出物を得、これを精製する。精製は、イオン交換クロ

マトグラフィー、ゲルろ過、アフィニティークロマトグラフィー、電気泳動などの当該分野で公知の方法を組み合わせて実施され得る。

【0058】

あるアミノ酸は、相互作用結合能力の明らかな低下または消失なしに、例えば、カチオン性領域または基質分子の結合部位のようなタンパク質構造において他のアミノ酸に置換され得る。あるタンパク質の生物学的機能を規定するのは、タンパク質の相互作用能力および性質である。従って、特定のアミノ酸の置換がアミノ酸配列において、またはそのDNAコード配列のレベルにおいて行われ得、置換後もなお、もとの性質を維持するタンパク質が生じ得る。従って、生物学的有用性の明らかな損失なしに、種々の改変が、本明細書において開示されたペプチドまたはこのペプチドをコードする対応するDNAにおいて行われ得る。

【0059】

上記のような改変を設計する際に、アミノ酸の疎水性指数が考慮され得る。タンパク質における相互作用的な生物学的機能を与える際の疎水性アミノ酸指数の重要性は、一般に当該分野で認められている (K y t e. J および D o o l i t t l e, R. F. J. M o l. B i o l. 157 (1) : 105-132, 1982)。アミノ酸の疎水的性質は、生成したタンパク質の二次構造に寄与し、次いでそのタンパク質と他の分子 (例えば、酵素、基質、レセプター、DNA、抗体、抗原など) との相互作用を規定する。各アミノ酸は、それらの疎水性および電荷の性質に基づく疎水性指数を割り当てられる。それらは: イソロイシン (+4.5); バリン (+4.2); ロイシン (+3.8); フェニルアラニン (+2.8); システイン/シスチン (+2.5); メチオニン (+1.9); アラニン (+1.8); グリシン (-0.4); スレオニン (-0.7); セリン (-0.8); トリプトファン (-0.9); チロシン (-1.3); プロリン (-1.6); ヒスチジン (-3.2); グルタミン酸 (-3.5); グルタミン (-3.5); アスパラギン酸 (-3.5); アスパラギン (-3.5); リジン (-3.9); およびアルギニン (-4.5) である。

【0060】

あるアミノ酸を、同様の疎水性指数を有する他のアミノ酸により置換して、そ

して依然として同様の生物学的機能を有するタンパク質（例えば、酵素活性において等価なタンパク質）を生じさせ得ることが当該分野で周知である。このようなアミノ酸置換において、疎水性指数が±2以内であることが好ましく、±1以内であることがより好ましく、および±0.5以内であることがさらに好ましい。疎水性に基づくこのようなアミノ酸の置換は効率的であることが当該分野において理解される。米国特許第4,554,101号に記載されるように、以下の親水性指数がアミノ酸残基に割り当てられている：アルギニン（+3.0）；リジン（+3.0）；アスパラギン酸（+3.0±1）；グルタミン酸（+3.0±1）；セリン（+0.3）；アスパラギン（+0.2）；グルタミン（+0.2）；グリシン（0）；スレオニン（-0.4）；プロリン（-0.5±1）；アラニン（-0.5）；ヒスチジン（-0.5）；システイン（-1.0）；メチオニン（-1.3）；バリン（-1.5）；ロイシン（-1.8）；イソロイシン（-1.8）；チロシン（-2.3）；フェニルアラニン（-2.5）；およびトリプトファン（-3.4）。アミノ酸が同様の親水性指数を有しかつ依然として生物学的等価体を与え得る別のものに置換され得ることが理解される。このようなアミノ酸置換において、親水性指数が±2以内であることが好ましく、±1以内であることがより好ましく、および±0.5以内であることがさらに好ましい。

【0061】

本発明において、「保存的置換」とは、アミノ酸置換において、元のアミノ酸と置換されるアミノ酸との親水性指数または／および疎水性指数が上記のように類似している置換をいう。保存的置換の例は、当業者に周知であり、例えば、次の各グループ内での置換：アルギニンおよびリジン；グルタミン酸およびアスパラギン酸；セリンおよびスレオニン；グルタミンおよびアスパラギン；ならびにバリン、ロイシン、およびイソロイシン、などが挙げられるがこれらに限定されない。

【0062】

本発明において「サイレント置換」とは、ヌクレオチド配列置換において、そのヌクレオチドがコードするアミノ酸には変化が生じない置換をいう。このよう

なサイレント置換は、遺伝コードの縮重を利用して行うことができる。そのような縮重については、当該分野で周知であり、本明細書において引用される文献などにも記載されている。

【0063】

本明細書において、「改変体」とは、もとのポリペプチドまたはポリヌクレオチドなどの物質に対して、一部が変更されているものをいう。そのような改変体としては、置換改変体、付加改変体、欠失改変体、短縮 (truncated) 改変体、対立遺伝子変異体などが挙げられる。対立遺伝子 (allele) とは、同一遺伝子座に属し、互いに区別される遺伝的改変体のことをいう。従って、「対立遺伝子変異体」とは、ある遺伝子に対して、対立遺伝子の関係にある改変体をいう。「種相同体またはホモログ (homolog)」とは、ある種の中で、ある遺伝子とアミノ酸レベルまたはヌクレオチドレベルで、相同性 (好ましくは、60%以上の相同性、より好ましくは、80%以上、85%以上、90%以上、95%以上の相同性) を有するものをいう。そのような種相同体を取得する方法は、本明細書の記載から明らかである。「オルソログ (ortholog)」とは、オルソログス遺伝子 (orthologous gene) ともいい、二つの遺伝子がある共通祖先からの種分化に由来する遺伝子をいう。例えば、多重遺伝子構造をもつヘモグロビン遺伝子ファミリーを例にとると、ヒトとマウスの α ヘモグロビン遺伝子はオルソログであるが、ヒトの α ヘモグロビン遺伝子と β ヘモグロビン遺伝子はパラログ (遺伝子重複で生じた遺伝子) である。オルソログは、分子系統樹の推定に有用であることから、本発明のオルソログもまた、本発明において有用であり得る。

【0064】

「保存的 (に改変された) 改変体」は、アミノ酸配列および核酸配列の両方に適用される。特定の核酸配列に関して、保存的に改変された改変体とは、同一のまたは本質的に同一のアミノ酸配列をコードする核酸をいい、核酸がアミノ酸配列をコードしない場合には、本質的に同一な配列をいう。遺伝コードの縮重のため、多数の機能的に同一な核酸が任意の所定のタンパク質をコードする。例えば、コドン GCA、GCC、GCG、および GCU はすべて、アミノ酸アラニンを

コードする。したがって、アラニンがコドンにより特定される全ての位置で、そのコドンは、コードされたポリペプチドを変更することなく、記載された対応するコドンの任意のものに変更され得る。このような核酸の変動は、保存的に改変された変異の1つの種である「サイレント改変(変異)」である。ポリペプチドをコードする本明細書中のすべての核酸配列はまた、その核酸の可能なすべてのサイレント変異を記載する。当該分野において、核酸中の各コドン(通常メチオニンのための唯一のコドンであるAUG、および通常トリプトファンのための唯一のコドンであるTGGを除く)が、機能的に同一な分子を産生するために改変され得ることが理解される。したがって、ポリペプチドをコードする核酸の各サイレント変異は、記載された各配列において暗黙に含まれる。好ましくは、そのような改変は、ポリペプチドの高次構造に多大な影響を与えるアミノ酸であるシステインの置換を回避するようになされ得る。

【0065】

本明細書において使用される核酸は、周知のPCR法により得ることができ、化学的に合成することもできる。これらの方法に、例えば、部位特異的変位誘発法、ハイブリダイゼーション法などを組み合わせてもよい。

【0066】

本明細書において、ポリペプチドまたはポリヌクレオチドの「置換、付加または欠失」とは、もとのポリペプチドまたはポリヌクレオチドに対して、それぞれアミノ酸もしくはその代替物、またはヌクレオチドもしくはその代替物が、置き換わること、付け加わることまたは取り除かれることをいう。このような置換、付加または欠失の技術は、当該分野において周知であり、そのような技術の例としては、部位特異的変異誘発技術などが挙げられる。置換、付加または欠失は、1つ以上であれば任意の数でよく、そのような数は、その置換、付加または欠失を有する改変体において目的とする機能(例えば、癌マーカー、神経疾患マーカーなど)が保持される限り、多くすることができる。例えば、そのような数は、1または数個であり得、そして好ましくは、全体の長さの20%以内、10%以内、または100個以下、50個以下、25個以下などであり得る。

【0067】

本明細書において、遺伝子が「特異的に発現する」とは、その遺伝子が、植物の特定の部位または時期において他の部位または時期とは異なる（好ましくは高い）レベルで発現されることをいう。特異的に発現するとは、ある部位（特異的部位）にのみ発現してもよく、それ以外の部位においても発現していてもよい。好ましくは特異的に発現するとは、ある部位においてのみ発現することをいう。

【0068】

本発明において利用され得る一般的な分子生物学的手法としては、Ausubel F. A. ら編（1988）、Current Protocols in Molecular Biology、Wiley、New York、NY；Sambrook J ら（1987）Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2nd Ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NYなどを参酌して当業者であれば容易に実施をすることができる。

【0069】

本明細書において「耐熱性」とは、通常の生物が生存する環境温度より高い温度に対して抵抗性を有することをいい、たとえば、37℃を超える温度に対する抵抗性が挙げられる。より通常には、耐熱性は、50℃以上の温度に対する抵抗性をいう。耐熱性は、生物について使用されるときは、低温でも高温でも生育することができる性質をいうことがある。他方、耐熱性は、ポリペプチドについて使用されるときは、高温（たとえば、37℃を超える温度、50℃以上の温度）に対する抵抗性をいう。また、このうちで、90℃以上でも抵抗性を有するものの性質を「超耐熱性」ともいう。

【0070】

本明細書において、高温で生育することができる生物はまた、「好熱菌」と呼ぶことがある。好熱菌は、通常生育至適温度が50～105℃で、30℃以下ではほとんど増殖しない。また、このうちで、90℃以上の至適温度をもつものは、「超好熱菌」と呼ばれる。

【0071】

本明細書において使用される「超好熱始原菌」とは、90℃以上で生育する微生物であるをいう。好ましくは超好熱始原菌は、超耐熱DNAリガーゼを産生する、本発明者らが単離した耐熱性チオールプロテアーゼ産生菌 *Thermococcus kodakaraensis* KOD1株 (Morikawa, M. et al., Appl. Environ. Microbiol. 60 (12), 4559-4566 (1994)) である。KOD-1株は独立行政法人産業技術総合研究所特許生物寄託センター (〒305-8566 茨城県つくば市東1-1-1 中央第6) に寄託されており、その受託番号はFERM P-15007号である。なお、このKOD-1株は、上記文献に記載されているように、分離された当初 *Pyrococcus* 属に分類されていた。しかし、DNASIS (日立ソフトウェアエンジニアリング社製) に入力されているGenBank R91.0 October, 1995+Daily Updateの登録データを用いた16S rRNAの配列の比較を実施したところ、KOD-1株は *Pyrococcus* 属よりはむしろ *Thermococcus* 属に近縁であることが示され、現在では *Thermococcus kodakaraensis* KOD-1と分類されている。

【0072】

本明細書において、超耐熱性タンパク質を生産する超好熱始原菌の培養は、例えばAppl. Environ. Microbiol. 60 (12), 4559-4566 (1994) (前出) に記載の培養条件下で実施し得る。培養は、静置培養または窒素ガスによる通気攪拌培養のいずれかであり得、そして連続的または回分的のいずれかであり得る。

【0073】

超好熱始原菌の染色体DNAは、培養された細菌細胞を、界面活性剤 (例えば、N-ラウリルサルコシン) などを用いて溶解し、得られた溶解物を塩化セシウムエチジウムブロミド平衡密度勾配超遠心分離法などにより分画して得ることができる (例えば、Imanaka et al., J. Bacteriol. 147: 776-786 (1981) を参照のこと)。ライブラリーは、得られた染色体DNAを各種制限酵素で切断した後、同一の制限酵素または共通の

切断末端を与える制限酵素で切断したベクター（ファージまたはプラスミドなどのような）に T4 DNA リガーゼなどを用いて連結することにより得ることができる。

【0074】

ライブラリーのスクリーニングは、このライブラリーから目的の超耐熱性 DNA リガーゼをコードする DNA を含むクローンを選択することにより行い得る。選択は、例えば、予め決定された超耐熱性 DNA リガーゼの部分アミノ酸配列に基づいて設計されたオリゴヌクレオチド、目的の DNA と相同性を有すると推測されるクローン化 DNA などを探プローブとして用いて実施され得る。あるいは、選択は、目的の酵素を発現させることにより実施され得る。例えば、発現の検出は、目的の酵素の活性が容易に検出され得る場合は、プレートに加えられた基質に対する発現産物の活性を検出することにより、または目的の酵素に対する抗体が利用可能である場合は、発現産物と抗体との反応性を利用して実施され得る。

【0075】

得られたクローン化 DNA の解析は、例えば選択された DNA を単離し、この制限地図を作製すること、およびヌクレオチド配列を決定することなどにより実施され得る。クローン化 DNA の調製、制限酵素処理、サブクローニング、ヌクレオチド配列の決定などの技術は当該分野において周知であり、例えば、「Molecular Cloning: A Laboratory Manual 第2版」(Sambrook, Fritsch および Maniatis 編, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) に記載されている。

【0076】

次いで、得られたクローン化 DNA を、使用される宿主細胞に適合性の発現ベクター中に作動可能に挿入し、この発現ベクターで宿主細胞を形質転換し、形質転換された宿主細胞を培養することにより、超耐熱性タンパク質を発現させ得る。

【0077】

(DNA アレイ)

本発明の遺伝子などの発現調節の解析は、DNAアレイを用いた遺伝子解析方法によっても行われ得る。DNAアレイについては、(秀潤社編、細胞工学別冊「DNAマイクロアレイと最新PCR法」)に広く概説されている。また、DNAアレイを用いた植物の解析についても最近行われるようになっている(Schenk PMら(2000) Proc. Natl. Acad. Sci. (USA) 97:11655-11660)。以下、DNAアレイおよびそれを使用する遺伝子分析方法を簡単に説明する。

【0078】

「DNAアレイ」とは、DNAを基板上にアレイ整列(array)させて、固定させたデバイスをいう。DNAアレイは、基盤の大きさまたは載せるDNAの密度によって、DNAマクロアレイおよびDNAマイクロアレイなどに分けられる。

【0079】

マクロとマイクロとの境界は厳密に決まっているわけではないが、一般に、「DNAマクロアレイ」とは、メンブレン上にDNAをスポットした高密度フィルター(high density filter)をいい、「DNAマイクロアレイ」とは、ガラス、シリコンなどの基板表面にDNAを載せたものをいう。載せる種類によって、cDNAアレイ、オリゴDNAアレイなどがある。

【0080】

高密度オリゴDNAアレイのうち、半導体集積回路製造のための光リソグラフィ(photolithography)技術を応用し、基板上で一度に複数種のオリゴDNAを合成することで作製されたものを、半導体チップになぞらえて、特に「DNAチップ(chip)」という。この方法を用いて作製されたものとしては、GeneChip(登録商標)(Affimetrix、CA)などが挙げられる(Marshall Aら、(1998) Nat. Biotechnol. 16:27-31およびRamsay Gら、(1998) Nat. Biotechnol. 16:40-44を参照のこと)。好ましくは、本発明におけるマイクロアレイを用いた遺伝子解析においては、このGeneChip(登録商標)が用いられ得る。DNAチップは、狭義には上記のように定義され

るが、DNAアレイまたはDNAマイクロアレイ全体をいうこともある。

【0081】

DNAマイクロアレイは、このように、ガラス基板上に数千～数万またはそれを超える遺伝子DNAを高密度に配列したデバイスであることから、cDNA、cRNAまたはゲノムDNAとのハイブリダイゼーションによって、遺伝子発現のプロファイルまたは遺伝子多型をゲノムスケールで解析することが可能となっている。この手法により、シグナル伝達系および／または転写制御経路の解析（Fambrough Dら（1999）、Cell 97, 727-741）、組織修復の機構の解析（Iyer VRら、（1999）、Science 283:83-87）、医薬品の作用機構（Marton MJ、（1999）、Nat. Med. 4:1293-1301）、発生・分化の過程における遺伝子発現変動の広汎な解析、病態に伴って発現変動する遺伝子群の同定、またはシグナル伝達系もしくは転写制御に関与する新たな遺伝子の発見などが可能となってきた。また、遺伝子多型についても、多数のSNPを1つのDNAマイクロアレイで解析することが可能となっている（Cargill Mら、（1999）、Nat. Genet. 22:231-238）。

【0082】

DNAマイクロアレイを用いたアッセイの原理を説明する。DNAマイクロアレイは、表面を適切に加工したスライドガラスのような固相基板上に多数の異なるDNAプローブを高密度に固定して作製する。その後、標識した核酸（標的）を、適切なハイブリダイゼーション条件下で、ハイブリダイズさせ、各々のプローブからのシグナルを自動検出器で検出する。このデータをコンピュータで大量解析する。例えば、遺伝子モニタリングにおいては、オリゴDNAまたはcDNAをプローブとしたマイクロアレイに、mRNAから逆転写反応により蛍光標識を取り込ませた標的cDNAをハイブリダイズさせて、蛍光イメージアナライザで検出する。この際、T7ポリメラーゼを用いてcRNA合成反応を行ったり、酵素反応を介させたりと、他の種々のシグナル増幅反応も行い得る。

【0083】

Fedorらは、コンビナトリアルケミストリと半導体製造用光リソグラフィ

技術とを合わせて、基板上にポリマーを合成する技術を開発した (Fodor SPら、(1991) Science 251:767-773)。これを、合成型DNAチップという。光リソグラフィでは、極めて微細な表面加工が可能なので、 $10\mu\text{m}^2$ /DNAサンプルといった集積度の高いDNAマイクロアレイを作製し得る。この方法では、一般に、ガラス基板上に25~30程度のDNAが合成され得る。

【0084】

合成型DNAチップを用いた遺伝子発現は、Lockartらが報告している (Lockart DJら (1996) Nat. Biotechnol. :14:1675-1680)。この方法では、合成され得る長さが短いため特異性が低いという本タイプのチップの欠点が解消された。ここでは、1つの遺伝子発現をみるために、十数か所に対応するパーフェクトマッチ (perfect match; PM) オリゴヌクレオチドプローブと、PMプローブの中央の1塩基に変異を入れたミスマッチ (mismatch; MM) オリゴヌクレオチドプローブとを調製することで、この問題が解決された。MMプローブは、ここでは、ハイブリダイゼーションの特異性の指標として用いられ、そしてPMプローブとMMプローブとのシグナル比から、遺伝子発現レベルが決定され得る。PMプローブとMMプローブとのシグナル比が同等な場合は、クロスハイブリダイゼーションと呼び、有意なシグナルとは解釈されない。

【0085】

いわゆる貼り付け型DNAマイクロアレイにおいては、スライドガラスにDNAを貼り付けていくタイプのDNAマイクロアレイを作製し、蛍光検出する (<http://cmgm.stanford.edu/pbrown> もまた参照のこと)。この方法では、大掛かりな半導体製造機は必要ではなく、DNAアレイ機および検出器があれば、研究室内でアッセイすることが可能である。この方法は、貼り付けるDNAを選択することが可能であるという利点を有する。高密度化についても、例えば、直径 $100\mu\text{m}$ のスポットを $100\mu\text{m}$ 間隔でスポットすれば、計算上 1cm^2 に2500のDNAをスポットすることが可能である。したがって、通常スライドガラス (有効面積は、およそ 4cm^2) におよそ1

万個のDNAを載せ得る。

【0086】

合成型DNAアレイにおける標識方法としては、例えば、二蛍光標識法が挙げられる。この方法では、2つの異なるmRNAサンプルをそれぞれ異なる蛍光で標識し、同一マイクロアレイ上で競合的ハイブリダイゼーションを行って、療法の蛍光を測定し、それを比較することで遺伝子発現の相違を検出する。蛍光色素としては、例えば、Cy5およびCy3などが最も用いられているが、それらに限定されない。Cy3およびCy5の利点は、蛍光波長の重なりが殆どないという点である。二蛍光標識法は、遺伝子発現の相違のみならず、変異または多型性を検出するためにも使用され得る。

【0087】

DNAアレイを用いるアッセイにおいては、アレイ機が使用され得る。アレイ機は、基本的に、高性能サーボモーターと組み合わせて、コンピュータの制御下でピン先またはスライドホルダをXYZ軸方向に作動し、マイクロタイタープレートからスライドガラス表面上にDNAサンプルを運ぶ装置である。ピン先の形状には、種々の加工がなされている。例えば、烏口のように割れたペン先にDNA溶液を溜めて、複数のスライドガラスにスポットする方式である。洗浄・乾燥のサイクルを挟んで、次にDNAサンプルを載せるという工程を繰り返す。ここで、サンプル同士の混入を防ぐためにも、ピン先の洗浄・乾燥を完全に行うことに注意する。このようなアレイ機としては、SPBIO2000（日立ソフトウェアエンジニアリング；1回打ち型）、GMS417Arrayer（宝酒造；ピンリング型）、Gene Tip Stamping（日本レーザ電子；万年筆型）などが挙げられる。

【0088】

DNAアレイを用いたアッセイに使用されるDNA固定法には種々の方法が存在する。基板の材質として、ガラスは、メンブレンと比較して有効固定面積が小さく、荷電量も少ないことから、種々のコーティングがなされている。実用的には、ポリ-L-リシンコートまたはシリル化などが行われている（Schena Mら（1995）Science 270:467-470）、Schena

Mら (1996) Proc. Natl. Acad. Sci. (USA) 93 : 10614-10619を参照のこと)。また、市販のDNAマイクロアレイ専用コーティング済スライドガラス (例えば、ポリカルボジイミドガラス (日清紡) など) も使用され得る。オリゴDNAの場合は、DNA末端をアミノ化してシラン化ガラスに架橋する方法も利用可能である。

【0089】

DNAマイクロアレイには、主に、PCRで増幅されたcDNA断片が載せられ得る。cDNAの濃度が充分ではない場合、シグナルを十分に検出し得ない場合が存在する。このように、一度のPCRにおいて充分量のcDNA断片が得られなかった場合には、PCRを何度か繰り返し、得られたPCR産物をまとめて精製・濃縮し得る。プローブcDNAは、一般的には、cDNAをランダムに数多く載せるが、実験の目的によっては、選択された一群の遺伝子 (例えば、本発明の遺伝子群またはプロモーター群) またはRDA (representational differential analysis) で得られた発現変化候補遺伝子を載せ得る。クローンの重複は避けることが好ましい。クローンは、手持ちのcDNAライブラリーから調製してもよく、cDNAクローンをまとめて入手してもよい。

【0090】

DNAアレイを用いたアッセイにおいては、DNAマイクロアレイ上でハイブリダイズした蛍光シグナルを蛍光検出器等で検出する。このような検出器は、現在までに種々の検出器が利用可能である。例えば、スタンフォード大学のグループは、オリジナルスキャナを開発しており、このスキャナは、蛍光顕微鏡と稼動ステージとを組み合わせたものである (<http://cmgm.stanford.edu/pbrown>を参照のこと)。従来型のゲル用蛍光イメージアナライザであるFMBIO (日立ソフトウェアエンジニアリング)、Storm (Molecular Dynamics) などでも、スポットがそれほど高密度でなければ、DNAマイクロアレイの読み取りを行い得る。その他に利用可能な検出器としては、ScanArray 4000、同5000 (General Scanning; スキャン型 (共焦点型))、GMS418 Array S

canner (宝酒造; スキャン型 (共焦点型))、Gene Tip Scanner (日本レーザ電子; スキャン型 (非共焦点型))、Gene Tac 2000 (Genomic Solutions; CCDカメラ型))などが挙げられる。

【0091】

DNAマイクロアレイから得られるデータは膨大であることから、クローンとスポットとの対応の管理、データ解析などを行うためのデータ解析ソフトウェアが重要である。そのようなソフトウェアとしては、各種検出システムに付属のソフトウェアが利用可能である (Ermolaeva Oら (1998) Nat. Genet. 20:19-23)。また、データベースのフォーマットとしては、例えば、Affymetrixが提唱しているGATC (genetic analysis technology consortium) と呼ばれる形式が挙げられる。

【0092】

本明細書においてタンパク質の発現の調節はまた、ディファレンシャルディスプレイ (differential display) 技術を用いた遺伝子解析でも解析することができる。

【0093】

本明細書において「ディファレンシャルディスプレイ (技術)」とは、発現変動する遺伝子を検出または同定するための方法である。この方法では、2つ以上のサンプルからcDNAをそれぞれ作製し、任意のプライマーセットを用いてPCRにより増幅し、その後、生成された複数のPCR産物をゲル電気泳動により分離し、パターン化した後、各バンドの相対的なシグナル強度変化をもとに、発現変動遺伝子がクローニングされる。

【0094】

(好ましい実施形態の説明)

次に、本発明の特徴の一つでもある新規遺伝子ターゲティング破壊について説明する。

【0095】

1つの局面において、本発明は、生物のゲノムにおける任意の遺伝子をターゲティング破壊するための方法を提供する。この方法は、1) 上記生物のゲノムの全配列の情報を提供する工程；2) 上記配列の任意の少なくとも1つの領域を選択する工程；3) 上記選択された領域と相同な配列、およびマーカー遺伝子を含むベクターを提供する工程；4) 上記ベクターで上記生物を形質転換する工程；および5) 上記生物を相対的組換えが生じる条件下に配置する工程、を包含する。この方法は、ゲノム配列全体が解明されたことによりはじめて達成されるものであり、従来の技術、たとえば、Bartolucci S. の *Sulfolobus solfataricus* を用いたモデルシステムでは、狙った遺伝子の破壊はできず、偶然により破壊された結果を利用することしかできない点で異なり、この相違点により、本発明は、所望の遺伝子を効率よく迅速に破壊することができ、機能解析などを行うことができるという効果がもたらされた。

【0096】

好ましくは、本発明の上記工程2)において、上記領域は少なくとも2つ選択される。領域が2つあることにより、ダブルクロスオーバーによる遺伝子のターゲティング破壊が行われるからである。本発明により示されるように、ダブルクロスオーバーによる遺伝子のターゲティング破壊は、シングルクロスオーバーによる遺伝子のターゲティング破壊よりも一般的に効率がよい。従って、上記領域は2つあることが好ましくあり得る。

【0097】

本発明において使用されるベクターは、破壊ベクターとも呼ばれるが、プロモーターのようなさらなる遺伝子調節エレメントをさらに含んでもよい。

【0098】

本発明の遺伝子ターゲティング方法は、上記マーカー遺伝子の発現産物を検出する工程をさらに包含し得る。ここで、この発現産物は、例えば、mRNA、ポリペプチド、翻訳後修飾を受けたポリペプチドであり得る。

【0099】

1つの実施形態において、上記マーカー遺伝子は、上記選択された領域内に配

置されても、上記選択された領域の外に配置されていてもよい。

【0100】

本明細書において、本発明において使用されるゲノムは、そのゲノムの全配列がほぼ判明していればどのようなゲノムであってもよい。そのようなゲノムの例としては、例えば、*Aeropyrum pernix*、*Archaeoglobus fulgidus*、*Methanobacterium thermoautorrophicum*、*Methanococcus jannaschii*、*Pyrococcus abyssi*、*Pyrococcus furiosus*、*Pyrococcus horikoshii*、*Sulfolobus solfataricus*、*Sulfolobus tokodaii*、*Thermoplasma acidophilum*、*Thermoplasma volcanium*のような古細菌、*Aquifex aeolicus*、*Thermotoga maritima*などの細菌などが挙げられるがそれらに限定されない。1つの実施形態では、ゲノムは、*Thermococcus kodakaraensis* KOD1のゲノムであってもよい。なぜなら、*Thermococcus kodakaraensis* KOD1のゲノムは、いまや全配列が判明したからである。ここで、全配列が判明またはほぼ判明したとは、どの領域の配列を選択したとしても、相同組換えを生じさせるに十分な相同な配列の領域を提供することができる程度に配列が判明していることをいう。したがって、そのような状態は、全配列が1塩基も欠けずに、判明していることが好ましいが、1、2、3塩基わからない状態の部分があってもよい。そのようなわからない状態の部分は、相同組換えを生じさせるに十分な相同な配列の領域を提供することができる程度であれば、複数存在していてもよい。

【0101】

好ましくは、本発明のゲノムは、配列番号1または1087に示される配列を有する。

【0102】

好ましくは、本発明の方法において、選択される領域は上記領域は、配列番号1中のオープンリーディングフレームであり、これは、配列番号1、342、7

23、1087、1469または1838に示される配列において、以下の表:

【0103】

【表1】

遺伝子 番号	核酸番号(センス 鎖(配列番号1、3 42、723に対 応)、開始)	核酸番号(センス 鎖、配列番号1、3 42、723に対応、 終結)	核酸番号(アンチセ ンス鎖、配列番号1 087、1469、18 38に対応、開始)	核酸番号(アンチセ ンス鎖、配列番号1 087、1469、18 38に対応、終結)	配列番号対応
1	1	5016	2089377	2084362	2
2	5134	5733	2084244	2083645	3
3	6079	6543	2083299	2082835	1468
4	6586	7014	2082792	2082364	4
5	7152	7391	2082226	2081987	1837
6	7399	7614	2081979	2081764	1467
7	7655	8755	2081723	2080623	2157
8	8843	10093	2080535	2079285	343
9	10095	10379	2079283	2078999	724
10	10376	10807	2079002	2078571	344
11	10808	11416	2078570	2077962	2156
12	11406	11726	2077972	2077652	725
13	11723	12286	2077655	2077092	345
14	12338	13411	2077040	2075967	346
15	13392	13841	2075986	2075537	1836
16	13808	14056	2075570	2075322	2155
17	14153	14896	2075225	2074482	347
18	15239	15964	2074139	2073414	348
19	16151	16699	2073227	2072679	349
20	16696	17697	2072682	2071681	5
21	17780	18793	2071598	2070585	2154
22	18786	19280	2070592	2070098	1835
23	19290	20183	2070088	2069195	1834
24	20183	21187	2069195	2068191	2153
25	21266	21919	2068112	2067459	2152
26	21913	22569	2067465	2066809	1466
27	22597	24195	2066781	2065183	1465
28	23947	24834	2065431	2064544	6
29	24813	25451	2064565	2063927	726
30	25413	25811	2063965	2063567	1833

31	25813	27396	2063565	2061982	1464
32	27565	28620	2061813	2060758	7
33	28591	29334	2060787	2060044	1463
34	29782	30681	2059596	2058697	8
35	31102	31266	2058276	2058112	9
36	31414	32235	2057964	2057143	10
37	32367	33251	2057011	2056127	727
38	33291	35033	2056087	2054345	728
39	35048	35824	2054330	2053554	350
40	35882	36541	2053496	2052837	351
41	36553	37380	2052825	2051998	11
42	37394	37870	2051984	2051508	352
43	37874	39298	2051504	2050080	353
44	39760	40332	2049618	2049046	12
45	40360	41070	2049018	2048308	13
46	41072	42694	2048306	2046684	354
47	42696	44444	2046682	2044934	729
48	44441	46435	2044937	2042943	355
49	46470	46991	2042908	2042387	730
50	47171	47416	2042207	2041962	356
51	47317	47799	2042061	2041579	14
52	47937	49139	2041441	2040239	1832
53	49153	49329	2040225	2040049	1462
54	49393	49731	2039985	2039647	15
55	49728	50297	2039650	2039081	731
56	50278	50559	2039100	2038819	1461
57	50693	51412	2038685	2037966	357
58	51483	52061	2037895	2037317	1831
59	52063	52605	2037315	2036773	1460
60	52602	53792	2036776	2035586	1830
61	54169	55020	2035209	2034358	16
62	55058	55606	2034320	2033772	358
63	55746	56018	2033632	2033360	732
64	56132	56263	2033246	2033115	359

65	56244	56708	2033134	2032670	733
66	56674	57267	2032704	2032111	17
67	57264	57584	2032114	2031794	1829
68	57599	58276	2031779	2031102	2151
69	58855	59703	2030523	2029675	18
70	59704	59868	2029674	2029510	1459
71	59898	61799	2029480	2027579	1828
72	62830	63723	2026548	2025655	19
73	64226	65992	2025152	2023386	360
74	66045	67382	2023333	2021996	734
75	67399	68973	2021979	2020405	20
76	69117	69374	2020261	2020004	735
77	69583	69795	2019795	2019583	21
78	69792	70511	2019586	2018867	736
79	70504	71112	2018874	2018266	22
80	71117	71245	2018261	2018133	361
81	71679	72593	2017699	2016785	737
82	72764	73339	2016614	2016039	362
83	73336	74643	2016042	2014735	23
84	74603	75760	2014775	2013618	363
85	75753	76025	2013625	2013353	738
86	76022	77458	2013356	2011920	364
87	77735	79045	2011643	2010333	365
88	79622	79726	2009756	2009652	2150
89	79968	80129	2009410	2009249	739
90	80246	80428	2009132	2008950	366
91	80432	83176	2008946	2006202	367
92	83431	83628	2005947	2005750	24
93	83908	84267	2005470	2005111	25
94	84264	84440	2005114	2004938	740
95	84461	85018	2004917	2004360	368
96	84999	85340	2004379	2004038	741
97	85421	85948	2003957	2003430	369
98	86333	87139	2003045	2002239	2149

99	87211	87663	2002167	2001715	26
100	87663	88265	2001715	2001113	742
101	88266	89279	2001112	2000099	743
102	89307	90059	2000071	1999319	744
103	90079	90267	1999299	1999111	27
104	90276	90560	1999102	1998818	745
105	90583	91056	1998795	1998322	1458
106	91178	91366	1998200	1998012	370
107	91363	92979	1998015	1996399	28
108	93072	94550	1996306	1994828	746
109	94552	95712	1994826	1993666	29
110	96185	97636	1993193	1991742	371
111	97620	98147	1991758	1991231	747
112	98417	99583	1990961	1989795	372
113	99648	100892	1989730	1988486	748
114	100915	101205	1988463	1988173	1457
115	101224	101733	1988154	1987645	1456
116	101796	102347	1987582	1987031	749
117	102393	102563	1986985	1986815	750
118	102986	103432	1986392	1985946	2148
119	103476	104318	1985902	1985060	751
120	104398	106101	1984980	1983277	30
121	106210	106779	1983168	1982599	31
122	106834	107454	1982544	1981924	32
123	107637	108455	1981741	1980923	752
124	108482	109099	1980896	1980279	2147
125	109092	111035	1980286	1978343	1827
126	111643	113019	1977735	1976359	1455
127	113205	114563	1976173	1974815	753
128	114668	115351	1974710	1974027	373
129	115397	116401	1973981	1972977	374
130	116482	116634	1972896	1972744	1454
131	116676	117494	1972702	1971884	1826
132	117475	118242	1971903	1971136	1453

133	118178	118711	1971200	1970667	2146
134	119061	119939	1970317	1969439	1825
135	119973	120485	1969405	1968893	754
136	120479	120952	1968899	1968426	2145
137	121121	121192	1968257	1968186	2144
138	121404	121856	1967974	1967522	755
139	122007	122438	1967371	1966940	756
140	122431	122667	1966947	1966711	33
141	122668	123594	1966710	1965784	34
142	123578	123868	1965800	1965510	2143
143	123932	126157	1965446	1963221	2142
144	126306	128561	1963072	1960817	757
145	128631	130013	1960747	1959365	1824
146	130150	131154	1959228	1958224	1452
147	131148	133049	1958230	1956329	1823
148	132745	133890	1956633	1955488	35
149	133885	134547	1955493	1954831	1451
150	134544	134834	1954834	1954544	1822
151	134978	135754	1954400	1953624	2141
152	137477	138172	1951901	1951206	2140
153	138521	138676	1950857	1950702	2139
154	139365	140972	1950013	1948406	758
155	141078	141311	1948300	1948067	759
156	141335	141856	1948043	1947522	375
157	141853	142707	1947525	1946671	1450
158	142732	143793	1946646	1945585	1449
159	143756	144931	1945622	1944447	2138
160	144924	145235	1944454	1944143	1821
161	145334	145951	1944044	1943427	376
162	146007	146603	1943371	1942775	1820
163	147207	149273	1942171	1940105	1819
164	149293	149697	1940085	1939681	1448
165	149699	150874	1939679	1938504	2137
166	150876	151928	1938502	1937450	1818

167	152076	152471	1937302	1936907	760
168	152417	152743	1936961	1936635	377
169	152801	153490	1936577	1935888	2136
170	153487	154752	1935891	1934626	1447
171	154844	155881	1934534	1933497	2135
172	156044	157309	1933334	1932069	378
173	157368	158228	1932010	1931150	761
174	158158	159018	1931220	1930360	1446
175	158982	159464	1930396	1929914	762
176	159517	160083	1929861	1929295	1445
177	160206	160256	1929172	1929122	763
178	160526	160744	1928852	1928634	2134
179	160787	161719	1928591	1927659	2133
180	161795	163255	1927583	1926123	2132
181	163362	164405	1926016	1924973	764
182	164398	165393	1924980	1923985	1444
183	165390	167531	1923988	1921847	1817
184	168881	170377	1920497	1919001	2131
185	170457	171128	1918921	1918250	1816
186	171130	171381	1918248	1917997	1443
187	171383	172534	1917995	1916844	2130
188	172527	173834	1916851	1915544	1815
189	173896	173985	1915482	1915393	1442
190	174404	174601	1914974	1914777	379
191	174585	175349	1914793	1914029	765
192	175740	177038	1913638	1912340	1814
193	177138	178151	1912240	1911227	766
194	178184	178348	1911194	1911030	380
195	178320	179039	1911058	1910339	1813
196	179195	180553	1910183	1908825	381
197	180543	181031	1908835	1908347	1812
198	181028	181288	1908350	1908090	2129
199	181345	183324	1908033	1906054	1441
200	183436	184935	1905942	1904443	1440

201	185362	185955	1904016	1903423	1439
202	185988	187004	1903390	1902374	1811
203	187111	187953	1902267	1901425	1438
204	188074	189315	1901304	1900063	36
205	189865	190278	1899513	1899100	37
206	190253	190621	1899125	1898757	382
207	190630	191799	1898748	1897579	1437
208	191874	192509	1897504	1896869	767
209	192535	192981	1896843	1896397	38
210	192971	193486	1896407	1895892	383
211	193701	194033	1895677	1895345	1810
212	194152	194358	1895226	1895020	1436
213	195097	195405	1894281	1893973	39
214	195742	195846	1893636	1893532	1435
215	195995	196111	1893383	1893267	384
216	196138	196959	1893240	1892419	1434
217	197032	197625	1892346	1891753	1433
218	197747	198367	1891631	1891011	385
219	198495	199754	1890883	1889624	1809
220	199748	200686	1889630	1888692	2128
221	200742	201098	1888636	1888280	768
222	201067	201738	1888311	1887640	40
223	201692	202102	1887686	1887276	386
224	202103	202924	1887275	1886454	387
225	202929	203372	1886449	1886006	769
226	203585	204475	1885793	1884903	388
227	204472	205083	1884906	1884295	41
228	205070	206200	1884308	1883178	389
229	206280	206813	1883098	1882565	770
230	206810	207397	1882568	1881981	390
231	207399	208100	1881979	1881278	771
232	208082	208840	1881296	1880538	391
233	208850	209479	1880528	1879899	392
234	209476	210486	1879902	1878892	42

235	210470	211198	1878908	1878180	393
236	211296	211982	1878082	1877396	772
237	211979	212956	1877399	1876422	394
238	212938	214239	1876440	1875139	43
239	214236	214814	1875142	1874564	773
240	214807	215433	1874571	1873945	44
241	215426	216595	1873952	1872783	395
242	216588	217343	1872790	1872035	774
243	217325	218095	1872053	1871283	2127
244	218020	219114	1871358	1870264	1432
245	219077	219253	1870301	1870125	2126
246	219407	220474	1869971	1868904	2125
247	220471	221718	1868907	1867660	1431
248	221676	222236	1867702	1867142	1808
249	222472	222852	1866906	1866526	1430
250	222879	223259	1866499	1866119	1807
251	223282	223923	1866096	1865455	1429
252	223877	225022	1865501	1864356	2124
253	224890	225804	1864488	1863574	1428
254	225801	226844	1863577	1862534	1806
255	226718	227377	1862660	1862001	2123
256	227370	227741	1862008	1861637	1805
257	227931	228242	1861447	1861136	775
258	228257	228718	1861121	1860660	396
259	228710	229147	1860668	1860231	2122
260	229347	229745	1860031	1859633	1804
261	229732	230820	1859646	1858558	1427
262	230826	231581	1858552	1857797	1803
263	231591	232583	1857787	1856795	1802
264	232580	233410	1856798	1855968	2121
265	233428	233589	1855950	1855789	1426
266	233684	234727	1855694	1854651	2120
267	234715	235206	1854663	1854172	1425
268	235203	236345	1854175	1853033	1801

269	236342	237427	1853036	1851951	2119
270	237653	238216	1851725	1851162	2118
271	238509	239528	1850869	1849850	776
272	239489	239686	1849889	1849692	397
273	239677	240426	1849701	1848952	1424
274	240560	243028	1848818	1846350	398
275	243977	244525	1845401	1844853	399
276	244591	245055	1844787	1844323	45
277	245052	245747	1844326	1843631	777
278	245738	246229	1843640	1843149	2117
279	246239	246340	1843139	1843038	2116
280	247226	248134	1842152	1841244	2115
281	248197	249606	1841181	1839772	1423
282	251161	251265	1838217	1838113	46
283	251394	251477	1837984	1837901	778
284	251557	251760	1837821	1837618	47
285	254653	255162	1834725	1834216	1422
286	255227	256987	1834151	1832391	2114
287	257124	258452	1832254	1830926	1800
288	258556	259233	1830822	1830145	1421
289	260703	261923	1828675	1827455	779
290	262176	262484	1827202	1826894	1799
291	262544	263830	1826834	1825548	2113
292	264065	265165	1825313	1824213	2112
293	264895	266262	1824483	1823116	1420
294	266696	266977	1822682	1822401	2111
295	267002	268075	1822376	1821303	2110
296	268109	269197	1821269	1820181	2109
297	269297	270064	1820081	1819314	400
298	270052	270306	1819326	1819072	48
299	270301	271278	1819077	1818100	1419
300	271361	272119	1818017	1817259	401
301	272121	272429	1817257	1816949	780
302	272525	274057	1816853	1815321	2108

303	274244	274963	1815134	1814415	402
304	275340	275564	1814038	1813814	781
305	276688	277758	1812690	1811620	49
306	277759	278526	1811619	1810852	50
307	278454	278981	1810924	1810397	782
308	278969	279736	1810409	1809642	403
309	279859	280521	1809519	1808857	1418
310	280629	281072	1808749	1808306	783
311	281104	282072	1808274	1807306	51
312	282069	282467	1807309	1806911	784
313	282544	283272	1806834	1806106	1417
314	283421	284416	1805957	1804962	2107
315	284413	285099	1804965	1804279	1416
316	285104	285292	1804274	1804086	2106
317	285716	286492	1803662	1802886	2105
318	286543	287079	1802835	1802299	52
319	287046	287645	1802332	1801733	1798
320	287758	288153	1801620	1801225	1415
321	288150	288437	1801228	1800941	1797
322	288505	289047	1800873	1800331	1414
323	289173	289493	1800205	1799885	1796
324	289490	289948	1799888	1799430	2104
325	290136	291029	1799242	1798349	1795
326	290939	291157	1798439	1798221	2103
327	291353	292696	1798025	1796682	404
328	292703	293509	1796675	1795869	405
329	293510	293593	1795868	1795785	2102
330	293627	294415	1795751	1794963	406
331	294346	294663	1795032	1794715	53
332	294750	295001	1794628	1794377	785
333	295115	296626	1794263	1792752	407
334	296627	297139	1792751	1792239	2101
335	297204	297731	1792174	1791647	1794
336	297773	298702	1791605	1790676	408

337	298699	300825	1790679	1788553	54
338	300795	301748	1788583	1787630	786
339	301803	303251	1787575	1786127	1793
340	303305	303766	1786073	1785612	2100
341	303750	304688	1785628	1784690	1792
342	304698	305126	1784680	1784252	1791
343	305339	306193	1784039	1783185	409
344	306190	306858	1783188	1782520	55
345	307473	307700	1781905	1781678	787
346	308311	308886	1781067	1780492	1413
347	308930	309406	1780448	1779972	2099
348	309492	310637	1779886	1778741	1790
349	310642	311016	1778736	1778362	1412
350	311017	311625	1778361	1777753	1411
351	312108	312536	1777270	1776842	1789
352	312637	312903	1776741	1776475	56
353	312953	313306	1776425	1776072	410
354	313344	314120	1776034	1775258	788
355	314205	314447	1775173	1774931	789
356	314429	315589	1774949	1773789	411
357	315618	316058	1773760	1773320	1788
358	316245	316973	1773133	1772405	1787
359	317124	318272	1772254	1771106	790
360	318265	319239	1771113	1770139	1410
361	319807	319851	1769571	1769527	1409
362	320239	320928	1769139	1768450	57
363	321374	321511	1768004	1767867	412
364	321508	321696	1767870	1767682	58
365	322012	322365	1767366	1767013	59
366	322265	324256	1767113	1765122	413
367	324261	326399	1765117	1762979	791
368	326552	326935	1762826	1762443	414
369	327013	327282	1762365	1762096	60
370	327284	327514	1762094	1761864	415

371	327518	328321	1761860	1761057	416
372	328333	328815	1761045	1760563	61
373	328812	329288	1760566	1760090	792
374	329290	330090	1760088	1759288	62
375	330224	331687	1759154	1757691	417
376	331691	332452	1757687	1756926	418
377	332449	332736	1756929	1756642	63
378	334175	334945	1755203	1754433	419
379	335068	335664	1754310	1753714	64
380	337045	337260	1752333	1752118	65
381	337711	338295	1751667	1751083	1408
382	339363	339788	1750015	1749590	793
383	340641	340727	1748737	1748651	794
384	341558	341995	1747820	1747383	420
385	342397	343461	1746981	1745917	66
386	343454	343891	1745924	1745487	421
387	343888	344076	1745490	1745302	67
388	344090	344401	1745288	1744977	422
389	345281	345472	1744097	1743906	423
390	345566	345622	1743812	1743756	2098
391	345615	345740	1743763	1743638	795
392	346174	346356	1743204	1743022	68
393	346528	346881	1742850	1742497	69
394	346606	346668	1742772	1742710	1407
395	347138	348463	1742240	1740915	424
396	348567	350417	1740811	1738961	1786
397	350537	351598	1738841	1737780	425
398	351592	352155	1737786	1737223	70
399	352419	352985	1736959	1736393	796
400	353923	354102	1735455	1735276	71
401	354174	355334	1735204	1734044	797
402	355393	355872	1733985	1733506	72
403	355856	356452	1733522	1732926	2097
404	356449	357381	1732929	1731997	1406

405	357378	358037	1732000	1731341	1785
406	358034	359329	1731344	1730049	2096
407	359407	360171	1729971	1729207	73
408	360168	361466	1729210	1727912	798
409	361497	363407	1727881	1725971	799
410	366699	367151	1722679	1722227	1784
411	367290	368240	1722088	1721138	1783
412	368237	369289	1721141	1720089	2095
413	370634	371449	1718744	1717929	426
414	371481	372920	1717897	1716458	800
415	374488	374550	1714890	1714828	74
416	374583	374840	1714795	1714538	801
417	374833	375534	1714545	1713844	1405
418	375535	376308	1713843	1713070	1404
419	376000	376092	1713378	1713286	75
420	376298	376771	1713080	1712607	2094
421	379177	380310	1710201	1709068	1403
422	380366	381109	1709012	1708269	2093
423	381111	382313	1708267	1707065	1782
424	382310	382675	1707068	1706703	2092
425	382850	383839	1706528	1705539	2091
426	384244	384471	1705134	1704907	1402
427	384528	385040	1704850	1704338	1781
428	385030	386139	1704348	1703239	1401
429	389056	390132	1700322	1699246	1400
430	390129	391328	1699249	1698050	1780
431	391570	392187	1697808	1697191	1399
432	392614	393321	1696764	1696057	1398
433	393449	394750	1695929	1694628	427
434	394894	398109	1694484	1691269	76
435	398178	398471	1691200	1690907	1779
436	398502	399011	1690876	1690367	802
437	399050	404185	1690328	1685193	428
438	404484	405290	1684894	1684088	803

439	405419	405631	1683959	1683747	2090
440	405628	405963	1683750	1683415	1397
441	405960	406709	1683418	1682669	1778
442	406835	408055	1682543	1681323	429
443	408052	408807	1681326	1680571	77
444	408809	409462	1680569	1679916	430
445	409459	409647	1679919	1679731	78
446	409647	410459	1679731	1678919	804
447	410460	411080	1678918	1678298	805
448	411176	411688	1678202	1677690	431
449	411878	413293	1677500	1676085	432
450	413415	413915	1675963	1675463	806
451	413926	414252	1675452	1675126	79
452	414877	415209	1674501	1674169	80
453	417109	417270	1672269	1672108	81
454	417291	417929	1672087	1671449	807
455	418636	419175	1670742	1670203	82
456	419247	420563	1670131	1668815	808
457	420627	422132	1668751	1667246	809
458	422333	422719	1667045	1666659	433
459	422876	424030	1666502	1665348	2089
460	426547	426711	1662831	1662667	83
461	426747	427742	1662631	1661636	810
462	427799	429064	1661579	1660314	434
463	429065	430390	1660313	1658988	2088
464	430394	430633	1658984	1658745	2087
465	430618	430785	1658760	1658593	1396
466	430883	432259	1658495	1657119	2086
467	432397	432738	1656981	1656640	84
468	432751	433449	1656627	1655929	85
469	433446	434621	1655932	1654757	1777
470	434530	435735	1654848	1653643	86
471	435779	436300	1653599	1653078	2085
472	436300	436812	1653078	1652566	1395

473	437409	438209	1651969	1651169	811
474	438222	439658	1651156	1649720	1776
475	439696	440403	1649682	1648975	1394
476	440578	441444	1648800	1647934	87
477	441511	441882	1647867	1647496	88
478	441887	442267	1647491	1647111	435
479	442358	442873	1647020	1646505	436
480	442922	444142	1646456	1645236	437
481	444220	444681	1645158	1644697	89
482	444972	445310	1644406	1644068	812
483	446197	448899	1643181	1640479	1393
484	448945	450294	1640433	1639084	1392
485	450481	450996	1638897	1638382	90
486	451077	451238	1638301	1638140	813
487	451250	451597	1638128	1637781	438
488	452770	453123	1636608	1636255	91
489	453183	454601	1636195	1634777	814
490	454835	455341	1634543	1634037	439
491	455338	455502	1634040	1633876	92
492	456330	456662	1633048	1632716	815
493	456623	456835	1632755	1632543	440
494	456838	457587	1632540	1631791	93
495	457618	458184	1631760	1631194	94
496	458476	459126	1630902	1630252	95
497	459138	459680	1630240	1629698	1775
498	459718	460674	1629660	1628704	96
499	460667	461935	1628711	1627443	2084
500	462618	463808	1626760	1625570	1774
501	464266	464421	1625112	1624957	1391
502	464460	464972	1624918	1624406	1773
503	465336	466562	1624042	1622816	816
504	466632	466847	1622746	1622531	1772
505	466975	467631	1622403	1621747	97
506	467628	468806	1621750	1620572	1771

507	471018	472637	1618360	1616741	1770
508	472691	474145	1616687	1615233	2083
509	474239	475240	1615139	1614138	441
510	475250	475708	1614128	1613670	442
511	475702	477042	1613676	1612336	98
512	477049	477657	1612329	1611721	99
513	477738	478031	1611640	1611347	817
514	477971	479050	1611407	1610328	2082
515	478881	479639	1610497	1609739	818
516	479629	480162	1609749	1609216	1390
517	480198	480755	1609180	1608623	1769
518	480843	481127	1608535	1608251	1768
519	481315	482679	1608063	1606699	100
520	484981	485445	1604397	1603933	101
521	485442	486008	1603936	1603370	1767
522	486065	486484	1603313	1602894	443
523	486481	488979	1602897	1600399	1389
524	489517	490644	1599861	1598734	1388
525	490744	491844	1598634	1597534	102
526	491922	493376	1597456	1596002	819
527	493561	495408	1595817	1593970	103
528	495410	496480	1593968	1592898	444
529	497090	499186	1592288	1590192	445
530	499596	499949	1589782	1589429	1766
531	500938	501252	1588440	1588126	1387
532	501249	501479	1588129	1587899	1765
533	501658	502464	1587720	1586914	1386
534	502547	502792	1586831	1586586	2081
535	502785	502967	1586593	1586411	1764
536	503187	503354	1586191	1586024	820
537	504971	505099	1584407	1584279	446
538	506242	506664	1583136	1582714	1385
539	507506	507592	1581872	1581786	447
540	508803	509420	1580575	1579958	1763

541	510163	510879	1579215	1578499	1384
542	511923	512477	1577455	1576901	1762
543	513104	513481	1576274	1575897	448
544	513710	514261	1575668	1575117	2080
545	514843	515223	1574535	1574155	1383
546	515543	515791	1573835	1573587	2079
547	517003	517803	1572375	1571575	1382
548	517805	518281	1571573	1571097	2078
549	518278	518760	1571100	1570618	1381
550	518772	519575	1570606	1569803	1761
551	519579	519809	1569799	1569569	1760
552	520158	520541	1569220	1568837	1759
553	520694	522628	1568684	1566750	2077
554	522837	524828	1566541	1564550	1758
555	524728	525042	1564650	1564336	1380
556	525397	525585	1563981	1563793	1379
557	525884	526483	1563494	1562895	2076
558	527199	527468	1562179	1561910	821
559	527689	528324	1561689	1561054	104
560	528364	528969	1561014	1560409	105
561	528984	529217	1560394	1560161	822
562	529214	529528	1560164	1559850	449
563	529509	529739	1559869	1559639	823
564	529736	529981	1559642	1559397	450
565	529978	530385	1559400	1558993	106
566	530659	532146	1558719	1557232	107
567	532123	532530	1557255	1556848	1378
568	532615	533754	1556763	1555624	108
569	533789	534916	1555589	1554462	451
570	534917	535363	1554461	1554015	2075
571	535366	536694	1554012	1552684	1377
572	536818	536871	1552560	1552507	1376
573	536998	537846	1552380	1551532	109
574	537847	538209	1551531	1551169	110

575	538230	539297	1551148	1550081	824
576	539304	540950	1550074	1548428	825
577	540986	541681	1548392	1547697	452
578	541671	542294	1547707	1547084	826
579	542291	542914	1547087	1546464	453
580	542904	545159	1546474	1544219	827
581	545191	545688	1544187	1543690	111
582	545706	546455	1543672	1542923	828
583	546468	547502	1542910	1541876	829
584	547499	547759	1541879	1541619	454
585	547830	548183	1541548	1541195	830
586	548218	548553	1541160	1540825	112
587	548531	549514	1540847	1539864	455
588	549515	549850	1539863	1539528	456
589	550080	551150	1539298	1538228	831
590	551249	552460	1538129	1536918	457
591	552309	553043	1537069	1536335	832
592	553133	553699	1536245	1535679	458
593	553745	554734	1535633	1534644	2074
594	554855	555676	1534523	1533702	459
595	555783	556910	1533595	1532468	1757
596	556879	558105	1532499	1531273	1375
597	558125	558196	1531253	1531182	2073
598	558864	559322	1530514	1530056	1756
599	559506	560798	1529872	1528580	833
600	560838	562364	1528540	1527014	834
601	562361	563395	1527017	1525983	460
602	563371	564303	1526007	1525075	113
603	564310	565311	1525068	1524067	1374
604	565409	567541	1523969	1521837	461
605	567556	567786	1521822	1521592	1373
606	567865	568512	1521513	1520866	1372
607	568711	570129	1520667	1519249	114
608	570172	570729	1519206	1518649	1371

609	570898	570957	1518480	1518421	115
610	571031	571738	1518347	1517640	462
611	571735	572070	1517643	1517308	1370
612	572149	574656	1517229	1514722	1369
613	574653	575411	1514725	1513967	1755
614	575490	576503	1513888	1512875	1754
615	576540	577586	1512838	1511792	1753
616	577750	578565	1511628	1510813	116
617	578612	579025	1510766	1510353	463
618	579392	579454	1509986	1509924	464
619	580461	580553	1508917	1508825	1752
620	581070	581168	1508308	1508210	1751
621	582573	583445	1506805	1505933	1750
622	583582	585228	1505796	1504150	1368
623	585396	586382	1503982	1502996	835
624	587383	587667	1501995	1501711	1367
625	588220	589968	1501158	1499410	1366
626	590029	591039	1499349	1498339	1365
627	591078	592301	1498300	1497077	1749
628	592190	593191	1497188	1496187	465
629	593214	593957	1496164	1495421	836
630	593914	594495	1495464	1494883	117
631	594739	594795	1494639	1494583	1364
632	595329	595610	1494049	1493768	837
633	595427	597550	1493951	1491828	466
634	597520	597798	1491858	1491580	1363
635	598695	599399	1490683	1489979	1748
636	599396	600097	1489982	1489281	2072
637	600094	600945	1489284	1488433	1362
638	600958	600999	1488420	1488379	1361
639	601388	601828	1487990	1487550	467
640	601912	602571	1487466	1486807	1360
641	602643	603974	1486735	1485404	1747
642	603976	605406	1485402	1483972	1359

643	605506	605823	1483872	1483555	118
644	605856	606749	1483522	1482629	1746
645	606746	607678	1482632	1481700	2071
646	607678	608625	1481700	1480753	1358
647	608720	609349	1480658	1480029	468
648	609665	611200	1479713	1478178	469
649	611281	612924	1478097	1476454	119
650	612921	613868	1476457	1475510	838
651	613855	614616	1475523	1474762	120
652	614613	615374	1474765	1474004	839
653	615379	616116	1473999	1473262	121
654	616117	616626	1473261	1472752	1357
655	616713	617375	1472665	1472003	840
656	617430	618005	1471948	1471373	1745
657	617873	619891	1471505	1469487	2070
658	619888	620115	1469490	1469263	1356
659	620116	620346	1469262	1469032	1355
660	620526	621581	1468852	1467797	841
661	621554	622366	1467824	1467012	470
662	622338	623402	1467040	1465976	842
663	623814	624353	1465564	1465025	1744
664	624301	624510	1465077	1464868	1354
665	624735	625205	1464643	1464173	1743
666	625223	625891	1464155	1463487	471
667	625916	626170	1463462	1463208	472
668	626202	626936	1463176	1462442	1742
669	626909	627853	1462469	1461525	2069
670	627832	628989	1461546	1460389	1353
671	629061	629687	1460317	1459691	1741
672	629684	631024	1459694	1458354	2068
673	631021	631839	1458357	1457539	1352
674	631871	632350	1457507	1457028	473
675	632430	632630	1456948	1456748	843
676	632617	633099	1456761	1456279	122

677	633112	633933	1456266	1455445	123
678	633964	634764	1455414	1454614	124
679	634815	635330	1454563	1454048	1740
680	635934	636071	1453444	1453307	1739
681	637143	637451	1452235	1451927	844
682	637487	638062	1451891	1451316	474
683	638134	639000	1451244	1450378	1351
684	639553	639651	1449825	1449727	125
685	639626	640396	1449752	1448982	2067
686	640393	641181	1448985	1448197	1350
687	641204	641923	1448174	1447455	2066
688	641972	642490	1447406	1446888	475
689	642511	643098	1446867	1446280	1349
690	643209	643670	1446169	1445708	845
691	644598	646496	1444780	1442882	1738
692	647573	650017	1441805	1439361	476
693	650078	650584	1439300	1438794	477
694	650587	651087	1438791	1438291	126
695	651198	652340	1438180	1437038	846
696	652343	653548	1437035	1435830	2065
697	653784	655079	1435594	1434299	847
698	655937	657688	1433441	1431690	2064
699	657722	658642	1431656	1430736	2063
700	658773	659825	1430605	1429553	1737
701	659850	660155	1429528	1429223	1736
702	660246	664418	1429132	1424960	848
703	664498	665586	1424880	1423792	127
704	665627	665995	1423751	1423383	478
705	666332	666616	1423046	1422762	2062
706	666618	667169	1422760	1422209	1735
707	667123	667176	1422255	1422202	128
708	667218	667724	1422160	1421654	1734
709	667824	669488	1421554	1419890	849
710	669735	671918	1419643	1417460	850

711	673707	673985	1415671	1415393	851
712	674033	674911	1415345	1414467	479
713	674957	675970	1414421	1413408	480
714	676425	677294	1412953	1412084	852
715	677302	678150	1412076	1411228	1348
716	678143	679063	1411235	1410315	2061
717	679100	679813	1410278	1409565	2060
718	679850	679924	1409528	1409454	481
719	680156	680470	1409222	1408908	482
720	680606	681754	1408772	1407624	483
721	682401	682496	1406977	1406882	853
722	682446	682799	1406932	1406579	1733
723	682717	684711	1406661	1404667	129
724	684698	685174	1404680	1404204	2059
725	686253	686873	1403125	1402505	1732
726	686863	687633	1402515	1401745	1347
727	687638	688447	1401740	1400931	2058
728	688516	689571	1400862	1399807	130
729	689568	690029	1399810	1399349	854
730	690316	690513	1399062	1398865	1346
731	690550	691353	1398828	1398025	1345
732	691387	692820	1397991	1396558	1344
733	692817	694928	1396561	1394450	1731
734	694986	695405	1394392	1393973	1730
735	695410	696654	1393968	1392724	1343
736	696651	697808	1392727	1391570	1729
737	697801	699510	1391577	1389868	1342
738	699507	700274	1389871	1389104	1728
739	700228	701004	1389150	1388374	1341
740	701037	701399	1388341	1387979	1727
741	701550	702359	1387828	1387019	855
742	702356	703177	1387022	1386201	484
743	703152	703868	1386226	1385510	856
744	703837	705249	1385541	1384129	1340

745	705309	706460	1384069	1382918	857
746	706455	706655	1382923	1382723	1726
747	706739	708556	1382639	1380822	485
748	708558	711569	1380820	1377809	858
749	711859	712440	1377519	1376938	131
750	712445	713191	1376933	1376187	2057
751	713142	713633	1376236	1375745	859
752	713693	714955	1375685	1374423	2056
753	715024	715470	1374354	1373908	1339
754	715543	716427	1373835	1372951	1338
755	716424	718136	1372954	1371242	1725
756	718317	719339	1371061	1370039	860
757	719507	719788	1369871	1369590	486
758	719790	720593	1369588	1368785	1724
759	720689	721426	1368689	1367952	2055
760	721789	722304	1367589	1367074	132
761	722344	722481	1367034	1366897	1337
762	722592	723116	1366786	1366262	861
763	723142	724314	1366236	1365064	1336
764	724419	725573	1364959	1363805	1723
765	725704	726249	1363674	1363129	133
766	726458	726643	1362920	1362735	487
767	728745	728798	1360633	1360580	862
768	729082	729786	1360296	1359592	1335
769	729844	730989	1359534	1358389	134
770	730961	731485	1358417	1357893	488
771	731586	733985	1357792	1355393	863
772	734016	734336	1355362	1355042	864
773	734349	734939	1355029	1354439	1722
774	735215	735760	1354163	1353618	489
775	735762	735941	1353616	1353437	865
776	735965	737146	1353413	1352232	2054
777	737210	737683	1352168	1351695	490
778	737822	739696	1351556	1349682	2053

779	739687	740523	1349691	1348855	1334
780	740584	741294	1348794	1348084	135
781	741329	741541	1348049	1347837	491
782	741920	742084	1347458	1347294	492
783	742684	743376	1346694	1346002	136
784	743424	743609	1345954	1345769	866
785	743587	744603	1345791	1344775	1333
786	744560	745372	1344818	1344006	493
787	745369	746826	1344009	1342552	137
788	746823	747761	1342555	1341617	1721
789	747766	748353	1341612	1341025	1332
790	748338	749033	1341040	1340345	1720
791	749030	749443	1340348	1339935	2052
792	749440	749877	1339938	1339501	1331
793	750208	750714	1339170	1338664	1330
794	751954	752967	1337424	1336411	138
795	753046	754110	1336332	1335268	139
796	754166	755410	1335212	1333968	2051
797	755496	756431	1333882	1332947	867
798	756477	756968	1332901	1332410	868
799	756958	757629	1332420	1331749	1329
800	757712	758458	1331666	1330920	2050
801	758689	759645	1330689	1329733	140
802	759762	760691	1329616	1328687	869
803	760688	761674	1328690	1327704	2049
804	762327	763418	1327051	1325960	870
805	763396	764058	1325982	1325320	141
806	765200	765316	1324178	1324062	2048
807	765637	766047	1323741	1323331	142
808	766138	766683	1323240	1322695	143
809	766685	767974	1322693	1321404	494
810	767976	768434	1321402	1320944	871
811	768477	769343	1320901	1320035	872
812	769459	769962	1319919	1319416	144

813	769950	771269	1319428	1318109	873
814	771283	771807	1318095	1317571	1328
815	771820	773541	1317558	1315837	145
816	773543	774817	1315835	1314561	495
817	774838	775089	1314540	1314289	146
818	775493	776422	1313885	1312956	496
819	776480	777643	1312898	1311735	497
820	778176	778346	1311202	1311032	874
821	778362	779411	1311016	1309967	875
822	779336	780247	1310042	1309131	498
823	780438	782276	1308940	1307102	876
824	782329	783108	1307049	1306270	147
825	783098	784927	1306280	1304451	2047
826	785382	786104	1303996	1303274	1719
827	786218	786838	1303160	1302540	2046
828	786930	787286	1302448	1302092	1718
829	787283	787609	1302095	1301769	2045
830	787749	788930	1301629	1300448	1717
831	788975	789268	1300403	1300110	499
832	789317	789460	1300061	1299918	2044
833	789852	790022	1299526	1299356	1716
834	790438	791058	1298940	1298320	1327
835	790672	790737	1298706	1298641	148
836	791117	792469	1298261	1296909	500
837	792505	792675	1296873	1296703	149
838	792665	793114	1296713	1296264	501
839	793111	795000	1296267	1294378	150
840	795038	795544	1294340	1293834	502
841	796310	797536	1293068	1291842	2043
842	797552	798316	1291826	1291062	2042
843	798473	799534	1290905	1289844	503
844	799610	799858	1289768	1289520	504
845	799848	800327	1289530	1289051	877
846	800324	800425	1289054	1288953	2041

847	800450	800518	1288928	1288860	2040
848	800919	802424	1288459	1286954	878
849	802436	802672	1286942	1286706	505
850	802669	802890	1286709	1286488	151
851	802887	803297	1286491	1286081	879
852	803294	805027	1286084	1284351	506
853	805220	806068	1284158	1283310	507
854	806024	807415	1283354	1281963	2039
855	807366	808745	1282012	1280633	880
856	808746	809576	1280632	1279802	1715
857	810847	811266	1278531	1278112	1326
858	811367	811606	1278011	1277772	508
859	811608	812351	1277770	1277027	881
860	812635	813648	1276743	1275730	152
861	813652	814113	1275726	1275265	153
862	814077	816419	1275301	1272959	882
863	816501	816650	1272877	1272728	883
864	816754	817728	1272624	1271650	154
865	817725	818519	1271653	1270859	884
866	818623	819468	1270755	1269910	155
867	819475	820395	1269903	1268983	156
868	820410	821180	1268968	1268198	1714
869	821146	822570	1268232	1266808	1325
870	822810	823514	1266568	1265864	1713
871	823599	824021	1265779	1265357	885
872	824015	825196	1265363	1264182	2038
873	825266	826294	1264112	1263084	2037
874	826379	827413	1262999	1261965	2036
875	827435	828904	1261943	1260474	2035
876	828985	829728	1260393	1259650	1324
877	829725	830471	1259653	1258907	1712
878	830551	832368	1258827	1257010	157
879	832337	833035	1257041	1256343	509
880	836010	837260	1253368	1252118	1711

881	837335	837601	1252043	1251777	2034
882	837647	839638	1251731	1249740	2033
883	839649	839885	1249729	1249493	1710
884	840097	840471	1249281	1248907	158
885	840503	841321	1248875	1248057	510
886	841293	842288	1248085	1247090	886
887	842275	842628	1247103	1246750	159
888	842986	844059	1246392	1245319	1323
889	844320	844517	1245058	1244861	1709
890	844597	845652	1244781	1243726	1322
891	845725	846387	1243653	1242991	160
892	846422	846727	1242956	1242651	511
893	846773	847903	1242605	1241475	512
894	847896	848990	1241482	1240388	887
895	848774	848884	1240604	1240494	2032
896	848987	849100	1240391	1240278	2031
897	849375	849638	1240003	1239740	1708
898	849669	851036	1239709	1238342	1707
899	851134	851325	1238244	1238053	1321
900	851346	851582	1238032	1237796	1706
901	851738	854035	1237640	1235343	513
902	851818	851883	1237560	1237495	1320
903	854126	855841	1235252	1233537	514
904	855888	856652	1233490	1232726	888
905	856637	856798	1232741	1232580	2030
906	857151	858227	1232227	1231151	889
907	858728	858934	1230650	1230444	515
908	860080	860340	1229298	1229038	161
909	860404	861084	1228974	1228294	1319
910	861133	862545	1228245	1226833	1318
911	862729	864021	1226649	1225357	1317
912	864121	864819	1225257	1224559	1316
913	865002	865454	1224376	1223924	890
914	865387	866304	1223991	1223074	162

915	866496	868313	1222882	1221065	891
916	868296	868430	1221082	1220948	1705
917	868444	870222	1220934	1219156	163
918	870263	870547	1219115	1218831	516
919	870532	870840	1218846	1218538	164
920	870842	871846	1218536	1217532	517
921	871836	872120	1217542	1217258	892
922	871942	872775	1217436	1216603	165
923	872833	873117	1216545	1216261	166
924	873524	874306	1215854	1215072	518
925	874707	874940	1214671	1214438	893
926	875022	875840	1214356	1213538	894
927	875837	876856	1213541	1212522	2029
928	877020	877235	1212358	1212143	895
929	877271	878197	1212107	1211181	519
930	878209	878658	1211169	1210720	1315
931	878718	878765	1210660	1210613	896
932	878886	879182	1210492	1210196	897
933	879211	880500	1210167	1208878	167
934	880506	881387	1208872	1207991	898
935	881550	881654	1207828	1207724	899
936	882812	882925	1206566	1206453	2028
937	885694	886539	1203684	1202839	1314
938	886567	887178	1202811	1202200	1313
939	887275	887487	1202103	1201891	168
940	887717	887920	1201661	1201458	520
941	887924	890701	1201454	1198677	521
942	891114	891398	1198264	1197980	900
943	891434	895009	1197944	1194369	522
944	895013	895678	1194365	1193700	523
945	895675	896097	1193703	1193281	1312
946	896626	899040	1192752	1190338	169
947	899156	900004	1190222	1189374	2027
948	900134	900385	1189244	1188993	524

949	901696	902574	1187682	1188804	1311
950	902700	903458	1186678	1185920	1704
951	903912	904115	1185466	1185263	1703
952	904127	904555	1185251	1184823	2026
953	904610	905026	1184768	1184352	525
954	905105	906898	1184273	1182480	526
955	906982	907974	1182396	1181404	170
956	907975	908217	1181403	1181161	1310
957	908370	909260	1181008	1180118	1702
958	909301	910116	1180077	1179262	171
959	910097	910516	1179281	1178862	527
960	910513	912024	1178865	1177354	172
961	912021	912893	1177357	1176485	1701
962	912890	914188	1176488	1175190	2025
963	914305	914493	1175073	1174885	173
964	914711	915121	1174667	1174257	528
965	915118	916428	1174260	1172950	174
966	916589	917257	1172789	1172121	529
967	917348	918352	1172030	1171026	530
968	918655	918705	1170723	1170673	1309
969	918719	919171	1170659	1170207	2024
970	919305	923264	1170073	1166114	901
971	924116	924814	1165282	1164564	2023
972	925010	927244	1164368	1162134	531
973	927249	927578	1162129	1161800	1700
974	928257	929309	1161121	1160069	1699
975	929424	929705	1159954	1159673	1698
976	930480	931013	1158898	1158365	1697
977	931103	931576	1158275	1157802	532
978	931594	932070	1157784	1157308	175
979	932526	933086	1156852	1156292	902
980	933128	933430	1156250	1155948	533
981	933728	933904	1155650	1155474	534
982	933919	934392	1155459	1154986	1308

983	934564	935379	1154814	1153999	176
984	935513	936664	1153865	1152714	2022
985	936666	936944	1152712	1152434	1696
986	936987	938822	1152391	1150556	1695
987	938954	940192	1150424	1149186	535
988	940239	940469	1149139	1148909	903
989	940803	940937	1148575	1148441	904
990	940934	942055	1148444	1147323	536
991	942591	942917	1146787	1146461	905
992	942914	943306	1146464	1146072	2021
993	943357	943545	1146021	1145833	1307
994	943533	943778	1145845	1145600	1694
995	943889	944536	1145489	1144842	2020
996	944542	944994	1144836	1144384	1306
997	944996	945436	1144382	1143942	2019
998	945433	945741	1143945	1143637	1305
999	945755	946939	1143623	1142439	2018
1000	946932	948164	1142446	1141214	1693
1001	948079	949662	1141299	1139716	1304
1002	949659	953030	1139719	1136348	1692
1003	953048	953296	1136330	1136082	2017
1004	953495	954190	1135883	1135188	2016
1005	954301	955020	1135077	1134358	177
1006	955204	956391	1134174	1132987	178
1007	956375	956533	1133003	1132845	2015
1008	957270	957638	1132108	1131740	906
1009	957640	961329	1131738	1128049	1303
1010	961407	962324	1127971	1127054	907
1011	962372	962575	1127006	1126803	537
1012	962593	963804	1126785	1125574	1302
1013	964168	964827	1125210	1124551	179
1014	964831	965430	1124547	1123948	1301
1015	965603	965896	1123775	1123482	538
1016	965901	966098	1123477	1123280	908

1017	966166	967002	1123212	1122376	180
1018	967002	967181	1122376	1122197	909
1019	967184	967987	1122194	1121391	539
1020	968134	968757	1121244	1120621	181
1021	968754	969002	1120624	1120376	910
1022	968995	969663	1120383	1119715	182
1023	969660	970463	1119718	1118915	911
1024	970555	971892	1118823	1117486	183
1025	971952	973340	1117426	1116038	1691
1026	973366	974772	1116012	1114606	1300
1027	974823	976277	1114555	1113101	1690
1028	976234	976803	1113144	1112575	1299
1029	976871	977053	1112507	1112325	2014
1030	977082	977765	1112296	1111613	1689
1031	977762	978706	1111616	1110672	2013
1032	978776	979747	1110602	1109631	540
1033	979826	981100	1109552	1108278	541
1034	981159	981425	1108219	1107953	1688
1035	981762	981815	1107616	1107563	1687
1036	982136	982483	1107242	1106895	542
1037	982480	982953	1106898	1106425	1298
1038	983025	983486	1106353	1105892	912
1039	983483	983821	1105895	1105557	543
1040	983802	984371	1105576	1105007	1686
1041	984359	985399	1105019	1103979	2012
1042	985204	986352	1104174	1103026	1297
1043	986349	986912	1103029	1102466	1685
1044	986851	987246	1102527	1102132	1296
1045	987243	987566	1102135	1101812	1684
1046	987517	988383	1101861	1100995	1295
1047	988383	989573	1100995	1099805	1683
1048	989577	989894	1099801	1099484	1682
1049	990762	991511	1098616	1097867	913
1050	991803	991991	1097575	1097387	914

1051	992036	993010	1097342	1096368	2011
1052	994241	995020	1095137	1094358	544
1053	995047	995112	1094331	1094266	184
1054	995380	995844	1093998	1093534	185
1055	995878	996558	1093500	1092820	1294
1056	997037	998464	1092341	1090914	545
1057	998525	999265	1090853	1090113	2010
1058	999750	1000229	1089628	1089149	915
1059	1000226	1001212	1089152	1088166	546
1060	1001217	1001987	1088161	1087391	916
1061	1002002	1003240	1087376	1086138	2009
1062	1003253	1005466	1086125	1083912	547
1063	1005467	1006087	1083911	1083291	2008
1064	1006202	1007890	1083176	1081488	2007
1065	1007979	1010192	1081399	1079186	1681
1066	1010189	1010956	1079189	1078422	2006
1067	1011011	1011949	1078367	1077429	2005
1068	1012013	1012879	1077365	1076499	548
1069	1012961	1013278	1076417	1076100	549
1070	1013371	1013883	1076007	1075495	186
1071	1013995	1014411	1075383	1074967	1293
1072	1014829	1017228	1074549	1072150	187
1073	1017331	1020711	1072047	1068667	188
1074	1020821	1020970	1068557	1068408	2004
1075	1021424	1022338	1067954	1067040	550
1076	1022319	1023311	1067059	1066067	1680
1077	1023301	1023780	1066077	1065598	1292
1078	1023781	1024785	1065597	1064593	1291
1079	1024877	1025692	1064501	1063686	551
1080	1025682	1026086	1063696	1063292	1679
1081	1026083	1026376	1063295	1063002	2003
1082	1026357	1026986	1063021	1062392	1678
1083	1026983	1027579	1062395	1061799	2002
1084	1027657	1029558	1061721	1059820	189

1085	1029517	1030068	1059861	1059310	1290
1086	1030276	1030950	1059102	1058428	1289
1087	1031013	1031807	1058365	1057571	1677
1088	1031814	1032344	1057564	1057034	1676
1089	1032406	1032792	1056972	1056586	190
1090	1032841	1034373	1056537	1055005	191
1091	1034458	1035498	1054920	1053880	192
1092	1035541	1036101	1053837	1053277	193
1093	1036098	1036649	1053280	1052729	917
1094	1036636	1037469	1052742	1051909	194
1095	1037390	1038229	1051988	1051149	2001
1096	1038226	1039704	1051152	1049674	1288
1097	1039796	1040683	1049582	1048695	552
1098	1041012	1041071	1048366	1048307	918
1099	1041624	1041935	1047754	1047443	919
1100	1042133	1042384	1047245	1046994	553
1101	1042526	1043701	1046852	1045677	554
1102	1043676	1044812	1045702	1044566	1675
1103	1044809	1046068	1044569	1043310	2000
1104	1047016	1048092	1042362	1041286	195
1105	1048209	1048610	1041169	1040768	1674
1106	1048684	1048761	1040694	1040617	1287
1107	1048718	1049599	1040660	1039779	555
1108	1049596	1051275	1039782	1038103	1286
1109	1051307	1051711	1038071	1037667	1999
1110	1051708	1051995	1037670	1037383	1285
1111	1052192	1052701	1037186	1036677	556
1112	1052753	1053022	1036625	1036356	557
1113	1053032	1053793	1036346	1035585	558
1114	1053859	1055274	1035519	1034104	196
1115	1055358	1055663	1034020	1033715	920
1116	1056285	1056395	1033093	1032983	921
1117	1056392	1057381	1032986	1031997	1998
1118	1057362	1057835	1032016	1031543	1673

1119	1057832	1058302	1031546	1031076	1997
1120	1058495	1059043	1030883	1030335	559
1121	1059047	1059307	1030331	1030071	1996
1122	1059399	1059863	1029979	1029515	1672
1123	1059921	1060517	1029457	1028861	922
1124	1060582	1061310	1028796	1028068	197
1125	1061307	1061768	1028071	1027610	1671
1126	1061878	1063221	1027500	1026157	198
1127	1063298	1064599	1026080	1024779	560
1128	1064656	1065000	1024722	1024378	1284
1129	1065370	1066023	1024008	1023355	1283
1130	1066020	1067213	1023358	1022165	1670
1131	1067215	1067811	1022163	1021567	1282
1132	1067793	1068392	1021585	1020986	1669
1133	1068394	1069287	1020984	1020091	1281
1134	1069288	1071138	1020090	1018240	1280
1135	1070858	1070965	1018520	1018413	561
1136	1071135	1072622	1018243	1016756	1668
1137	1072619	1072963	1016759	1016415	1995
1138	1072960	1073688	1016418	1015690	1279
1139	1073670	1073954	1015708	1015424	1667
1140	1073951	1074343	1015427	1015035	1994
1141	1074340	1074594	1015038	1014784	1278
1142	1074591	1075124	1014787	1014254	1666
1143	1075360	1075860	1014018	1013518	1277
1144	1076013	1077278	1013365	1012100	923
1145	1077432	1077986	1011946	1011392	924
1146	1078071	1079189	1011307	1010189	1665
1147	1079201	1080472	1010177	1008906	1993
1148	1080723	1081862	1008655	1007516	925
1149	1082285	1084639	1007093	1004739	562
1150	1082363	1082779	1007015	1006599	1992
1151	1084640	1085716	1004738	1003662	1991
1152	1085820	1086698	1003558	1002680	926

1153	1086762	1086986	1002616	1002392	927
1154	1087256	1088512	1002122	1000866	1990
1155	1088568	1088813	1000810	1000565	1664
1156	1088815	1089384	1000563	999994	1276
1157	1089160	1089210	1000218	1000168	199
1158	1089484	1089639	999894	999739	1275
1159	1089909	1090604	999469	998774	1663
1160	1091118	1091525	998260	997853	1662
1161	1091646	1092197	997732	997181	928
1162	1092206	1093522	997172	995856	1989
1163	1093556	1093957	995822	995421	1988
1164	1093967	1095127	995411	994251	1987
1165	1096375	1096839	993003	992539	200
1166	1096870	1098303	992508	991075	201
1167	1098281	1098538	991097	990840	563
1168	1098554	1099156	990824	990222	564
1169	1099220	1099486	990158	989892	565
1170	1099468	1099908	989910	989470	202
1171	1099954	1100991	989424	988387	203
1172	1101073	1101510	988305	987868	1274
1173	1101868	1102326	987510	987052	1273
1174	1102786	1103181	986592	986197	1272
1175	1103673	1104461	985705	984917	1661
1176	1104585	1106492	984793	982886	929
1177	1106686	1107264	982692	982114	1271
1178	1107524	1108015	981854	981363	1986
1179	1108559	1110253	980819	979125	1985
1180	1110347	1111819	979031	977559	566
1181	1111862	1112080	977516	977298	1984
1182	1112624	1113001	976754	976377	1983
1183	1113459	1114217	975919	975161	930
1184	1114407	1117082	974971	972296	931
1185	1117577	1118029	971801	971349	567
1186	1118086	1119738	971292	969640	1270

1187	1119840	1120178	969538	969200	932
1188	1120172	1120504	969206	968874	568
1189	1120505	1121407	968873	967971	569
1190	1121408	1122520	967970	966858	1982
1191	1122517	1123746	966861	965632	1269
1192	1123810	1124472	965568	964906	204
1193	1124569	1125114	964809	964264	1268
1194	1125170	1125637	964208	963741	1981
1195	1125727	1126902	963651	962476	205
1196	1128262	1128495	961116	960883	1267
1197	1128535	1128972	960843	960406	1266
1198	1129034	1130476	960344	958902	1980
1199	1130532	1131944	958846	957434	1660
1200	1132006	1132422	957372	956956	1265
1201	1132432	1132659	956946	956719	1264
1202	1132744	1135125	956634	954253	1263
1203	1135154	1135213	954224	954165	570
1204	1135255	1137741	954123	951637	1262
1205	1138634	1138867	950744	950511	571
1206	1139159	1142494	950219	946884	572
1207	1142537	1142836	946841	946542	573
1208	1142873	1144054	946505	945324	574
1209	1144054	1145121	945324	944257	206
1210	1145177	1146514	944201	942864	575
1211	1146553	1148040	942825	941338	207
1212	1148086	1149231	941292	940147	208
1213	1150093	1151094	939285	938284	209
1214	1151091	1154534	938287	934844	1659
1215	1155108	1155464	934270	933914	933
1216	1155466	1155999	933912	933379	1261
1217	1157418	1157627	931960	931751	1658
1218	1157624	1157836	931754	931542	1979
1219	1157916	1158293	931462	931085	1657
1220	1158361	1159554	931017	929824	1260

1221	1159686	1160306	929692	929072	1656
1222	1161299	1161634	928079	927744	1978
1223	1161690	1163606	927688	925772	1655
1224	1163703	1164656	925675	924722	934
1225	1164663	1165082	924715	924296	935
1226	1165121	1165714	924257	923664	576
1227	1165724	1165948	923654	923430	577
1228	1165959	1166231	923419	923147	936
1229	1166259	1166948	923119	922430	937
1230	1167001	1167234	922377	922144	210
1231	1167503	1168657	921875	920721	1977
1232	1168678	1169472	920700	919906	1259
1233	1169576	1171024	919802	918354	1976
1234	1171021	1171905	918357	917473	1258
1235	1172047	1172277	917331	917101	211
1236	1172264	1173025	917114	916353	1975
1237	1173022	1173636	916356	915742	1257
1238	1173687	1174022	915691	915356	938
1239	1174023	1174274	915355	915104	1654
1240	1174284	1174388	915094	914990	1653
1241	1174493	1177870	914885	911508	578
1242	1178296	1178862	911082	910516	212
1243	1178840	1179322	910538	910056	579
1244	1179335	1180606	910043	908772	1974
1245	1180603	1181361	908775	908017	1256
1246	1181719	1181916	907659	907462	1255
1247	1182281	1182673	907097	906705	1973
1248	1182899	1183855	906479	905523	580
1249	1184435	1184731	904943	904647	1972
1250	1184832	1185752	904546	903626	1652
1251	1186264	1186524	903114	902854	1254
1252	1187372	1187653	902006	901725	1971
1253	1188250	1188906	901128	900472	1253
1254	1188962	1189906	900416	899472	1970

1255	1189940	1190062	899438	899316	1969
1256	1191309	1191941	898069	897437	1651
1257	1195773	1195841	893605	893537	939
1258	1196421	1196939	892957	892439	1650
1259	1197121	1197330	892257	892048	1252
1260	1197327	1197827	892051	891551	1649
1261	1197859	1198116	891519	891262	1251
1262	1198129	1198395	891249	890983	1250
1263	1198775	1198969	890603	890409	581
1264	1199210	1199536	890168	889842	1968
1265	1200465	1200542	888913	888836	940
1266	1202741	1204258	886637	885120	1967
1267	1204260	1205624	885118	883754	1648
1268	1205780	1207075	883598	882303	1966
1269	1207362	1207793	882016	881585	941
1270	1207790	1208482	881588	880896	582
1271	1209464	1210141	879914	879237	583
1272	1210174	1210893	879204	878485	213
1273	1210890	1211111	878488	878267	942
1274	1211128	1211787	878250	877591	214
1275	1211850	1212755	877528	876623	943
1276	1212760	1213104	876618	876274	1249
1277	1213101	1214369	876277	875009	1647
1278	1214366	1215214	875012	874164	1965
1279	1215250	1215861	874128	873517	1248
1280	1217374	1217490	872004	871888	215
1281	1219074	1219190	870304	870188	944
1282	1219197	1220690	870181	868688	1646
1283	1220740	1221513	868638	867865	1247
1284	1221503	1222201	867875	867177	1964
1285	1222282	1223655	867096	865723	216
1286	1223758	1225113	865620	864265	217
1287	1225113	1225991	864265	863387	945
1288	1226169	1226861	863209	862517	946

1289	1227076	1227702	862302	861676	1246
1290	1227756	1228466	861622	860912	1645
1291	1228622	1230493	860756	858885	584
1292	1230580	1233081	858798	856297	218
1293	1233236	1234546	856142	854832	585
1294	1234563	1236284	854815	853094	1644
1295	1236584	1237978	852794	851400	1963
1296	1237975	1238376	851403	851002	1245
1297	1238433	1239707	850945	849671	1643
1298	1239791	1239994	849587	849384	1962
1299	1240125	1240214	849253	849164	947
1300	1240801	1240896	848577	848482	1244
1301	1241592	1241921	847786	847457	1642
1302	1241983	1243014	847395	846364	1243
1303	1243011	1243661	846367	845717	1641
1304	1243692	1243778	845686	845600	1640
1305	1243775	1244272	845603	845106	1961
1306	1244307	1244765	845071	844613	1639
1307	1244788	1244973	844590	844405	1242
1308	1245004	1246125	844374	843253	1241
1309	1246241	1247059	843137	842319	1960
1310	1247369	1248709	842009	840669	1959
1311	1248621	1249226	840757	840152	948
1312	1250499	1251188	838879	838190	1638
1313	1251193	1251561	838185	837817	1240
1314	1251632	1253578	837746	835800	1958
1315	1253588	1253788	835790	835590	1957
1316	1254304	1255470	835074	833908	219
1317	1255582	1256436	833796	832942	1239
1318	1256379	1256846	832999	832532	1637
1319	1257402	1258961	831976	830417	949
1320	1258972	1259079	830406	830299	220
1321	1259124	1259858	830254	829520	950
1322	1259855	1260172	829523	829206	1956

1323	1260229	1262256	829149	827122	1238
1324	1262388	1262651	826990	826727	951
1325	1262709	1264661	826669	824717	952
1326	1264658	1265074	824720	824304	1955
1327	1265145	1265591	824233	823787	953
1328	1265593	1266390	823785	822988	221
1329	1266750	1267955	822628	821423	954
1330	1268130	1269137	821248	820241	1636
1331	1269155	1270042	820223	819336	1954
1332	1270062	1271162	819316	818216	1635
1333	1271162	1272181	818216	817197	1953
1334	1272174	1273103	817204	816275	1634
1335	1273100	1274158	816278	815220	1952
1336	1274151	1275281	815227	814097	1633
1337	1275461	1276135	813917	813243	1951
1338	1276120	1276689	813258	812689	1237
1339	1276727	1278301	812651	811077	1950
1340	1278636	1279535	810742	809843	1632
1341	1279958	1280587	809420	808791	1949
1342	1280661	1281740	808717	807638	955
1343	1281804	1282397	807574	806981	1631
1344	1282384	1283034	806994	806344	1236
1345	1283055	1284251	806323	805127	1630
1346	1284667	1285869	804711	803509	222
1347	1285975	1289823	803403	799555	223
1348	1290019	1292922	799359	796456	224
1349	1293396	1293860	795982	795518	1629
1350	1294892	1295722	794486	793656	586
1351	1295748	1297115	793630	792263	956
1352	1297116	1298444	792262	790934	1628
1353	1298625	1298846	790753	790532	957
1354	1299189	1300220	790189	789158	1627
1355	1300290	1301624	789088	787754	1626
1356	1301759	1302934	787619	786444	1948

1357	1302931	1303617	786447	785761	1235
1358	1303690	1304454	785688	784924	1234
1359	1304451	1305239	784927	784139	1625
1360	1305236	1306249	784142	783129	1947
1361	1306246	1306722	783132	782656	1233
1362	1306665	1307039	782713	782339	1624
1363	1307076	1307963	782302	781415	1623
1364	1307989	1309053	781389	780325	1232
1365	1309106	1309948	780272	779430	587
1366	1309950	1311020	779428	778358	958
1367	1311965	1313317	777413	776061	1946
1368	1313412	1314224	775966	775154	1622
1369	1315661	1315879	773717	773499	1945
1370	1316041	1316151	773337	773227	1231
1371	1316410	1317765	772968	771613	225
1372	1317762	1318001	771616	771377	959
1373	1317998	1318528	771380	770850	588
1374	1318585	1319298	770793	770080	226
1375	1319308	1319637	770070	769741	227
1376	1319620	1320078	769758	769300	1230
1377	1321326	1322096	768052	767282	960
1378	1322102	1322401	767276	766977	1944
1379	1322840	1323004	766538	766374	1943
1380	1323183	1323788	766195	765590	1621
1381	1323802	1324827	765576	764551	1229
1382	1325139	1325336	764239	764042	1620
1383	1325369	1325800	764009	763578	1942
1384	1325787	1326215	763591	763163	1619
1385	1326222	1326593	763156	762785	1618
1386	1326738	1327526	762640	761852	1617
1387	1327548	1327970	761830	761408	1616
1388	1327967	1328509	761411	760869	1941
1389	1328520	1329077	760858	760301	1615
1390	1329084	1329671	760294	759707	1614

1391	1330058	1330213	759320	759165	589
1392	1330540	1331565	758838	757813	1228
1393	1331777	1332007	757601	757371	1940
1394	1332043	1332753	757335	756625	1227
1395	1332861	1333112	756517	756266	1613
1396	1333113	1333694	756265	755684	1612
1397	1333706	1333999	755672	755379	1939
1398	1334020	1334550	755358	754828	1226
1399	1334537	1335136	754841	754242	1938
1400	1335210	1336667	754168	752711	1611
1401	1336699	1337145	752679	752233	1225
1402	1337157	1337624	752221	751754	1610
1403	1337636	1338343	751742	751035	1937
1404	1338340	1338954	751038	750424	1224
1405	1338956	1339411	750422	749967	1936
1406	1339413	1339793	749965	749585	1609
1407	1339810	1340373	749568	749005	1223
1408	1340375	1340767	749003	748611	1935
1409	1340779	1340949	748599	748429	1222
1410	1340951	1341502	748427	747876	1934
1411	1341516	1342247	747862	747131	1608
1412	1342247	1342612	747131	746766	1933
1413	1342624	1343049	746754	746329	1221
1414	1343053	1343406	746325	745972	1220
1415	1343394	1343660	745984	745718	1607
1416	1343657	1343953	745721	745425	1932
1417	1343960	1344160	745418	745218	1931
1418	1344147	1344785	745231	744593	1606
1419	1344782	1345252	744596	744126	1930
1420	1345263	1345673	744115	743705	1605
1421	1345670	1346398	743708	742980	1929
1422	1346403	1346663	742975	742715	1604
1423	1346670	1347437	742708	741941	1603
1424	1347448	1348488	741930	740890	1219

1425	1348490	1349344	740888	740034	1928
1426	1349882	1351258	739496	738120	1927
1427	1351322	1352506	738056	736872	1926
1428	1352613	1353269	736765	736109	1602
1429	1354574	1355740	734804	733638	590
1430	1355821	1356402	733557	732976	1218
1431	1356606	1357514	732772	731864	961
1432	1357517	1358350	731861	731028	1925
1433	1358441	1359433	730937	729945	1924
1434	1361181	1362461	728197	726917	962
1435	1362449	1362523	726929	726855	591
1436	1363010	1363930	726368	725448	1923
1437	1363972	1365465	725406	723913	1217
1438	1365589	1366155	723789	723223	228
1439	1366195	1367346	723183	722032	229
1440	1367357	1368481	722021	720897	592
1441	1368582	1369193	720796	720185	963
1442	1369248	1370567	720130	718811	964
1443	1370627	1370989	718751	718389	1922
1444	1371847	1372125	717531	717253	230
1445	1372322	1373752	717056	715626	593
1446	1373902	1376664	715476	712714	231
1447	1376921	1378402	712457	710976	594
1448	1378470	1379534	710908	709844	1601
1449	1379649	1380014	709729	709364	965
1450	1379981	1380445	709397	708933	1921
1451	1380532	1381284	708846	708094	1216
1452	1381281	1382687	708097	706691	1600
1453	1382767	1384572	706611	704806	232
1454	1384569	1385354	704809	704024	1599
1455	1385351	1385914	704027	703464	1920
1456	1386061	1387578	703317	701800	1215
1457	1387922	1388011	701456	701367	595
1458	1388004	1389050	701374	700328	1598

1459	1388485	1388589	700893	700789	233
1460	1389047	1389982	700331	699396	1919
1461	1390108	1390617	699270	698761	234
1462	1390656	1391165	698722	698213	966
1463	1391397	1391669	697981	697709	967
1464	1393980	1394540	695398	694838	968
1465	1396169	1396951	693209	692427	596
1466	1396965	1397522	692413	691856	969
1467	1397528	1397968	691850	691410	1918
1468	1398271	1399176	691107	690202	235
1469	1399173	1400693	690205	688685	970
1470	1400690	1401382	688688	687996	597
1471	1401502	1401813	687876	687565	236
1472	1401815	1403806	687563	685572	598
1473	1403824	1404309	685554	685069	237
1474	1404349	1404960	685029	684418	238
1475	1404957	1406060	684421	683318	971
1476	1406057	1406365	683321	683013	599
1477	1406372	1407382	683006	681996	600
1478	1407475	1408257	681903	681121	239
1479	1408254	1409654	681124	679724	972
1480	1409674	1410327	679704	679051	240
1481	1410413	1411189	678965	678189	601
1482	1411199	1411954	678179	677424	602
1483	1411938	1413167	677440	676211	973
1484	1413235	1413960	676143	675418	241
1485	1413935	1414642	675443	674736	603
1486	1414943	1415797	674435	673581	604
1487	1415800	1418658	673578	670720	1214
1488	1418655	1420457	670723	668921	1597
1489	1420450	1420923	668928	668455	1213
1490	1421049	1422080	668329	667298	1596
1491	1422217	1422759	667161	666619	242
1492	1422740	1423594	666638	665784	1917

1493	1423617	1424129	665761	665249	1595
1494	1424266	1424787	665112	664591	243
1495	1424787	1428260	664591	661118	974
1496	1428306	1428734	661072	660644	975
1497	1428842	1430410	660536	658968	605
1498	1430421	1430807	658957	658571	976
1499	1430801	1431283	658577	658095	606
1500	1431290	1432483	658088	656895	607
1501	1432547	1433398	656831	655980	608
1502	1433432	1434445	655946	654933	609
1503	1434874	1435398	654504	653980	244
1504	1435395	1436108	653983	653270	1594
1505	1436180	1436593	653198	652785	1916
1506	1436645	1436935	652733	652443	1915
1507	1436958	1437776	652420	651602	1593
1508	1437769	1438527	651609	650851	1212
1509	1438502	1439275	650876	650103	1914
1510	1439272	1439982	650106	649396	1211
1511	1439994	1440776	649384	648602	1592
1512	1441115	1441582	648263	647796	610
1513	1441557	1441976	647821	647402	1591
1514	1441888	1442184	647490	647194	1210
1515	1442268	1442525	647110	646853	977
1516	1442602	1444524	646776	644854	245
1517	1444521	1444967	644857	644411	1590
1518	1445288	1446001	644090	643377	1913
1519	1446421	1446744	642957	642634	1209
1520	1447018	1447827	642360	641551	246
1521	1447763	1448299	641615	641079	1912
1522	1448354	1448527	641024	640851	1911
1523	1448733	1449227	640645	640151	978
1524	1449764	1450072	639614	639306	611
1525	1450076	1451272	639302	638106	612
1526	1451362	1452348	638016	637030	247

1527	1452345	1452566	637033	636812	1589
1528	1452921	1453571	636457	635807	1588
1529	1453739	1453954	635639	635424	613
1530	1454658	1454753	634720	634625	1587
1531	1455780	1457495	633598	631883	1586
1532	1458373	1458516	631005	630862	1208
1533	1460859	1461371	628519	628007	1585
1534	1461343	1461726	628035	627652	1207
1535	1462494	1463108	626884	626270	1584
1536	1463105	1464283	626273	625095	1910
1537	1464255	1466492	625123	622886	1583
1538	1466599	1467609	622779	621769	1206
1539	1467655	1467744	621723	621634	248
1540	1467769	1467906	621609	621472	249
1541	1467891	1468676	621487	620702	1582
1542	1468498	1469019	620880	620359	1205
1543	1469265	1470533	620113	618845	979
1544	1470609	1471790	618769	617588	1581
1545	1471812	1471937	617566	617441	1580
1546	1471870	1472673	617508	616705	250
1547	1474731	1474928	614647	614450	1579
1548	1475072	1475983	614306	613395	1909
1549	1477107	1477574	612271	611804	980
1550	1477584	1479029	611794	610349	1578
1551	1479030	1479884	610348	609494	1577
1552	1480088	1480873	609290	608505	614
1553	1480960	1481781	608418	607597	1204
1554	1481753	1481869	607625	607509	1908
1555	1482049	1482780	607329	606598	1203
1556	1484422	1486413	604956	602965	251
1557	1486448	1488211	602930	601167	615
1558	1488253	1489308	601125	600070	1202
1559	1489417	1490157	599961	599221	252
1560	1490211	1490753	599167	598625	981

1561	1490896	1491087	598482	598291	253
1562	1491222	1491395	598156	597983	1576
1563	1491406	1491738	597972	597640	1201
1564	1491692	1492225	597686	597153	1907
1565	1492222	1492431	597156	596947	1200
1566	1492428	1493000	596950	596378	1575
1567	1493037	1493573	596341	595805	1574
1568	1493631	1494593	595747	594785	1573
1569	1494613	1495560	594765	593818	1199
1570	1495557	1496564	593821	592814	1572
1571	1496677	1497216	592701	592162	1198
1572	1497231	1497902	592147	591476	1571
1573	1498015	1498506	591363	590872	1197
1574	1499893	1500954	589485	588424	1196
1575	1500975	1501334	588403	588044	982
1576	1501234	1501755	588144	587623	254
1577	1501752	1502747	587626	586631	983
1578	1502782	1504029	586596	585349	255
1579	1503705	1503881	585673	585497	1570
1580	1506454	1507683	582924	581695	256
1581	1507680	1508369	581698	581009	984
1582	1508513	1509250	580865	580128	616
1583	1509284	1511584	580094	577794	1906
1584	1512986	1513759	576392	575619	617
1585	1513756	1514835	575622	574543	257
1586	1515877	1516842	573501	572536	258
1587	1518510	1518569	570868	570809	1569
1588	1519816	1521600	569562	567778	259
1589	1519824	1519925	569554	569453	1568
1590	1521735	1522592	567643	566786	985
1591	1523210	1524667	566168	564711	618
1592	1525075	1526076	564303	563302	260
1593	1526066	1526449	563312	562929	1905
1594	1529489	1530295	559889	559083	619

1595	1530296	1530733	559082	558645	620
1596	1530894	1536164	558484	553214	986
1597	1536298	1536771	553080	552607	261
1598	1536811	1537365	552567	552013	262
1599	1540326	1541702	549052	547676	987
1600	1541901	1543691	547477	545687	1567
1601	1543754	1544062	545624	545316	621
1602	1544093	1544920	545285	544458	622
1603	1544970	1545347	544408	544031	988
1604	1545432	1545968	543946	543410	1566
1605	1546165	1549362	543213	540016	263
1606	1549370	1549522	540008	539856	1904
1607	1550195	1551454	539183	537924	1903
1608	1551384	1551506	537994	537872	989
1609	1551637	1552008	537741	537370	1195
1610	1551975	1552217	537403	537161	1565
1611	1552330	1553088	537048	536290	264
1612	1553108	1555480	536270	533898	1902
1613	1555474	1556295	533904	533083	1194
1614	1556455	1557438	532923	531940	1193
1615	1557416	1558507	531962	530871	1901
1616	1558390	1559334	530988	530044	1192
1617	1559337	1560350	530041	529028	1564
1618	1560382	1561011	528996	528367	1191
1619	1561392	1562597	527986	526781	1563
1620	1562832	1564286	526546	525092	990
1621	1564489	1564938	524889	524440	265
1622	1564960	1565772	524418	523606	1190
1623	1565943	1569653	523435	519725	991
1624	1569699	1571144	519679	518234	1562
1625	1570858	1571220	518520	518158	266
1626	1571217	1572563	518161	516815	1561
1627	1572612	1573637	516766	515741	1560
1628	1573641	1573748	515737	515630	1559

1629	1573710	1575680	515668	513698	992
1630	1575753	1577099	513625	512279	993
1631	1577138	1578040	512240	511338	623
1632	1578037	1579284	511341	510094	267
1633	1579294	1582596	510084	506782	268
1634	1582707	1583825	506671	505553	994
1635	1583858	1584259	505520	505119	624
1636	1584289	1585641	505089	503737	269
1637	1585646	1586575	503732	502803	1900
1638	1586361	1588547	503017	500831	995
1639	1588597	1588962	500781	500416	270
1640	1588919	1590214	500459	499164	625
1641	1590298	1591578	499080	497800	271
1642	1591902	1592372	497476	497006	1558
1643	1592769	1593515	496609	495863	996
1644	1593682	1594884	495696	494494	1189
1645	1595017	1595325	494361	494053	272
1646	1596465	1597058	492913	492320	1557
1647	1597751	1598509	491627	490869	1899
1648	1598676	1599902	490702	489476	997
1649	1599886	1600935	489492	488443	273
1650	1601220	1601777	488158	487601	998
1651	1603727	1603786	485651	485592	626
1652	1604088	1604264	485290	485114	1556
1653	1604708	1606048	484670	483330	627
1654	1606039	1606902	483339	482476	1188
1655	1606912	1607685	482466	481693	1187
1656	1607663	1607971	481715	481407	1898
1657	1608213	1609220	481165	480158	1555
1658	1609231	1610190	480147	479188	1186
1659	1610202	1611623	479176	477755	1554
1660	1611635	1612684	477743	476694	1897
1661	1612865	1615312	476513	474066	1896
1662	1615653	1616882	473725	472496	999

1663	1616860	1617561	472518	471817	274
1664	1617558	1618517	471820	470861	1000
1665	1617756	1617815	471622	471563	1553
1666	1618578	1619276	470800	470102	1001
1667	1619263	1621227	470115	468151	1185
1668	1621305	1621934	468073	467444	1552
1669	1622735	1622920	466643	466458	628
1670	1622922	1624112	466456	465266	1002
1671	1624133	1625287	465245	464091	629
1672	1625321	1625563	464057	463815	630
1673	1625628	1625717	463750	463661	1003
1674	1625816	1625929	463562	463449	631
1675	1625919	1626824	463459	462554	1551
1676	1627009	1627614	462369	461764	1184
1677	1627793	1629337	461585	460041	632
1678	1629435	1630595	459943	458783	1004
1679	1630596	1631720	458782	457658	1005
1680	1630637	1630705	458741	458673	1895
1681	1631799	1633073	457579	456305	1006
1682	1633129	1633257	456249	456121	275
1683	1634125	1634739	455253	454639	276
1684	1634253	1634369	455125	455009	1550
1685	1634744	1635046	454634	454332	633
1686	1635049	1636365	454329	453013	1183
1687	1636376	1637356	453002	452022	634
1688	1637336	1638673	452042	450705	1894
1689	1638670	1639755	450708	449623	1182
1690	1639752	1640816	449626	448562	1549
1691	1640937	1641557	448441	447821	1548
1692	1641581	1643545	447797	445833	1893
1693	1643712	1644038	445666	445340	1007
1694	1644035	1644664	445343	444714	1892
1695	1644711	1645832	444667	443546	1008
1696	1645842	1646195	443536	443183	1009

1697	1646550	1647749	442828	441629	1010
1698	1651192	1652691	438186	436687	1181
1699	1652842	1653462	436536	435916	277
1700	1653443	1654624	435935	434754	635
1701	1654676	1655512	434702	433866	636
1702	1655924	1656976	433454	432402	1891
1703	1657257	1658210	432121	431168	1547
1704	1658633	1658857	430745	430521	1890
1705	1659540	1660034	429838	429344	1011
1706	1660137	1660616	429241	428762	1012
1707	1660605	1661033	428773	428345	1546
1708	1661293	1661439	428085	427939	278
1709	1661519	1662583	427859	426795	1889
1710	1662585	1666019	426793	423359	1545
1711	1666185	1666505	423193	422873	1544
1712	1667046	1668500	422332	420878	1543
1713	1668573	1668914	420805	420464	1013
1714	1668871	1669944	420507	419434	279
1715	1669941	1671896	419437	417482	1542
1716	1671856	1672545	417522	416833	1180
1717	1672642	1672686	416736	416692	1179
1718	1672713	1673096	416665	416282	1541
1719	1673965	1674999	415413	414379	1178
1720	1675448	1676545	413930	412833	637
1721	1676630	1677790	412748	411588	638
1722	1677812	1678636	411566	410742	639
1723	1678705	1679553	410673	409825	280
1724	1679540	1680370	409838	409008	640
1725	1680367	1681128	409011	408250	281
1726	1681383	1681730	407995	407648	1014
1727	1681740	1682333	407638	407045	1015
1728	1682428	1682817	406950	406561	282
1729	1682818	1683495	406560	405883	1177
1730	1683568	1684578	405810	404800	1176

1731	1684439	1684564	404939	404814	641
1732	1685535	1686689	403843	402689	1540
1733	1686869	1687045	402509	402333	642
1734	1687089	1687931	402289	401447	1016
1735	1687932	1689299	401446	400079	1539
1736	1689399	1690175	399979	399203	1017
1737	1691003	1692442	398375	396936	1888
1738	1692515	1693180	396863	396198	643
1739	1693184	1693489	396194	395889	644
1740	1693499	1694056	395879	395322	645
1741	1694157	1695629	395221	393749	1018
1742	1695642	1696265	393736	393113	1538
1743	1696275	1697726	393103	391652	1537
1744	1697807	1698145	391571	391233	646
1745	1699092	1699178	390286	390200	1019
1746	1699622	1700173	389756	389205	1887
1747	1700210	1701493	389168	387885	1886
1748	1703531	1704163	385847	385215	647
1749	1704224	1704970	385154	384408	1885
1750	1704989	1705141	384389	384237	1884
1751	1705367	1706314	384011	383064	1883
1752	1706139	1706984	383239	382394	1020
1753	1706986	1707378	382392	382000	283
1754	1707375	1708133	382003	381245	1536
1755	1708168	1710714	381210	378664	1175
1756	1710855	1711487	378523	377891	1535
1757	1712778	1714040	376600	375338	1021
1758	1714040	1716247	375338	373131	648
1759	1716248	1721644	373130	367734	649
1760	1721669	1722406	367709	366972	650
1761	1722894	1723436	366484	365942	1022
1762	1725222	1725860	364156	363518	1023
1763	1725857	1726705	363521	362673	1882
1764	1727964	1729022	361414	360356	1024

1765	1729029	1729787	360349	359591	1025
1766	1729784	1730227	359594	359151	651
1767	1730270	1731955	359108	357423	652
1768	1731945	1732280	357433	357098	1534
1769	1732332	1732982	357046	356396	1533
1770	1732998	1733120	356380	356258	1532
1771	1733473	1734267	355905	355111	284
1772	1734255	1735046	355123	354332	1531
1773	1735212	1735793	354166	353585	1026
1774	1736419	1736520	352959	352858	285
1775	1736456	1736896	352922	352482	653
1776	1736893	1737423	352485	351955	1174
1777	1737620	1738414	351758	350964	1881
1778	1738777	1739505	350601	349873	1173
1779	1739502	1739852	349876	349526	1530
1780	1739935	1740549	349443	348829	1172
1781	1740792	1741826	348586	347552	1027
1782	1741926	1743704	347452	345674	1028
1783	1743694	1743957	345684	345421	1171
1784	1743938	1744243	345440	345135	1880
1785	1744245	1745591	345133	343787	1529
1786	1745650	1746300	343728	343078	286
1787	1746894	1747268	342484	342110	1029
1788	1747308	1748660	342070	340718	1030
1789	1749755	1749931	339623	339447	1879
1790	1749900	1749992	339478	339386	1031
1791	1750416	1751543	338962	337835	1528
1792	1751717	1752793	337661	336585	1878
1793	1752795	1753493	336583	335885	1527
1794	1753468	1755291	335910	334087	1170
1795	1755444	1756100	333934	333278	1526
1796	1756133	1756924	333245	332454	1877
1797	1757029	1757460	332349	331918	1169
1798	1757494	1758735	331884	330643	1168

1799	1758870	1758998	330508	330380	1525
1800	1760394	1760735	328984	328643	1032
1801	1762166	1762558	327212	326820	1876
1802	1762676	1762846	326702	326532	654
1803	1762843	1763493	326535	325885	1167
1804	1763590	1764141	325788	325237	287
1805	1764136	1764609	325242	324769	1166
1806	1764704	1765804	324674	323574	655
1807	1765840	1766682	323538	322696	288
1808	1766679	1767068	322699	322310	1033
1809	1767079	1767885	322299	321493	1165
1810	1767919	1768269	321459	321109	1164
1811	1768271	1769350	321107	320028	1875
1812	1769469	1770143	319909	319235	1524
1813	1770892	1772169	318486	317209	289
1814	1772144	1772719	317234	316659	1874
1815	1772653	1773303	316725	316075	1163
1816	1773571	1774485	315807	314893	1162
1817	1774489	1775145	314889	314233	1161
1818	1775139	1776068	314239	313310	1523
1819	1776073	1776540	313305	312838	1160
1820	1776586	1777293	312792	312085	290
1821	1777281	1777811	312097	311567	1034
1822	1777799	1778830	311579	310548	656
1823	1779069	1779554	310309	309824	1035
1824	1779558	1779923	309820	309455	1522
1825	1779979	1781619	309399	307759	1159
1826	1781597	1782928	307781	306450	657
1827	1782866	1783828	306512	305550	1873
1828	1784010	1784594	305368	304784	1036
1829	1784774	1784953	304604	304425	658
1830	1784955	1786151	304423	303227	1037
1831	1786148	1787092	303230	302286	659
1832	1787147	1787473	302231	301905	660

1833	1787485	1788669	301893	300709	291
1834	1788671	1789675	300707	299703	661
1835	1789714	1790697	299664	298681	292
1836	1790705	1791568	298673	297810	662
1837	1791624	1791959	297754	297419	1038
1838	1791963	1792769	297415	296609	1039
1839	1792792	1793328	296586	296050	293
1840	1793325	1794524	296053	294854	1521
1841	1794521	1794823	294857	294555	1872
1842	1794964	1796124	294414	293254	294
1843	1796129	1797154	293249	292224	1871
1844	1797235	1797561	292143	291817	1158
1845	1797561	1797665	291817	291713	1520
1846	1797874	1798116	291504	291262	1157
1847	1798158	1800545	291220	288833	1519
1848	1800686	1801306	288692	288072	1870
1849	1801592	1802125	287786	287253	663
1850	1802245	1803363	287133	286015	1156
1851	1803363	1803602	286015	285776	1518
1852	1803666	1804280	285712	285098	1040
1853	1804317	1804535	285061	284843	1517
1854	1804571	1805047	284807	284331	1869
1855	1805521	1805853	283857	283525	1155
1856	1805911	1806657	283467	282721	1154
1857	1806654	1807073	282724	282305	1516
1858	1807161	1808084	282217	281294	1041
1859	1808249	1808404	281129	280974	664
1860	1808394	1808819	280984	280559	1515
1861	1808985	1811618	280393	277760	1042
1862	1811744	1812487	277634	276891	665
1863	1812518	1813510	276860	275868	1868
1864	1813353	1813550	276025	275828	1043
1865	1813638	1814054	275740	275324	1514
1866	1814141	1814644	275237	274734	1867

1867	1814559	1814648	274819	274730	1044
1868	1814829	1815962	274549	273416	1045
1869	1815959	1817002	273419	272376	666
1870	1816999	1817745	272379	271633	295
1871	1817756	1818715	271622	270663	667
1872	1819570	1819776	269808	269602	1153
1873	1820187	1820936	269191	268442	1513
1874	1820961	1821659	268417	267719	1512
1875	1821659	1821841	267719	267537	1866
1876	1822105	1823073	267273	266305	296
1877	1823702	1823782	265676	265596	1865
1878	1823857	1824675	265521	264703	297
1879	1824662	1825624	264716	263754	1864
1880	1825648	1826151	263730	263227	298
1881	1826226	1826504	263152	262874	1511
1882	1826572	1826886	262806	262492	299
1883	1826859	1827470	262519	261908	1046
1884	1827563	1828408	261815	260970	1863
1885	1828493	1829698	260885	259680	668
1886	1829731	1830558	259647	258820	300
1887	1830621	1831115	258757	258263	1510
1888	1831076	1831645	258302	257733	1862
1889	1831699	1832772	257679	256606	301
1890	1832777	1833709	256601	255669	669
1891	1833706	1834158	255672	255220	1152
1892	1834155	1834856	255223	254522	1509
1893	1834992	1835603	254386	253775	1047
1894	1835581	1836201	253797	253177	302
1895	1836239	1837111	253139	252267	670
1896	1837108	1838508	252270	250870	1151
1897	1838515	1839846	250863	249532	1150
1898	1839843	1842821	249535	246557	1508
1899	1842996	1844864	246382	244514	1507
1900	1844947	1845273	244431	244105	303

1901	1845241	1845942	244137	243436	1149
1902	1845932	1846168	243446	243210	671
1903	1846267	1847184	243111	242194	1148
1904	1847191	1848111	242187	241267	1147
1905	1848117	1849664	241261	239714	1506
1906	1853437	1853742	235941	235636	1146
1907	1853826	1853894	235552	235484	1048
1908	1853933	1854607	235445	234771	1861
1909	1854612	1855832	234766	233546	1505
1910	1855928	1857586	233450	231792	1860
1911	1857656	1858012	231722	231366	672
1912	1858017	1859300	231361	230078	1504
1913	1859380	1859607	229998	229771	1145
1914	1859695	1860141	229683	229237	1144
1915	1860556	1860741	228822	228637	1143
1916	1860814	1862100	228564	227278	1142
1917	1862097	1862900	227281	226478	1503
1918	1862902	1863786	226476	225592	1141
1919	1863783	1864895	225595	224483	1502
1920	1865656	1866711	223722	222667	304
1921	1866693	1867223	222685	222155	1049
1922	1867473	1868666	221905	220712	1050
1923	1868696	1869637	220682	219741	673
1924	1869643	1870143	219735	219235	305
1925	1870833	1871861	218545	217517	1051
1926	1872015	1872557	217363	216821	1052
1927	1872533	1872811	216845	216567	674
1928	1872808	1873179	216570	216199	306
1929	1873176	1873442	216202	215936	1053
1930	1873439	1873735	215939	215643	675
1931	1873732	1874181	215646	215197	307
1932	1874169	1874537	215209	214841	1054
1933	1874534	1876078	214844	213300	676
1934	1876071	1876427	213307	212951	1055

1935	1876465	1876995	212913	212383	308
1936	1876992	1877561	212386	211817	1056
1937	1877558	1878838	211820	210540	677
1938	1878843	1879835	210535	209543	1057
1939	1879832	1880263	209546	209115	678
1940	1880264	1880797	209114	208581	1859
1941	1880784	1881278	208594	208100	1501
1942	1881271	1881759	208107	207619	1140
1943	1881790	1882272	207588	207106	1139
1944	1882334	1883542	207044	205836	679
1945	1883543	1884076	205835	205302	680
1946	1884157	1885149	205221	204229	309
1947	1885281	1886627	204097	202751	1058
1948	1886671	1887270	202707	202108	310
1949	1887267	1887560	202111	201818	1500
1950	1887544	1888218	201834	201160	1138
1951	1888724	1890025	200654	199353	681
1952	1890006	1890557	199372	198821	1499
1953	1890634	1894026	198744	195352	311
1954	1894318	1894365	195060	195013	312
1955	1894442	1895158	194936	194220	682
1956	1895222	1895692	194156	193686	1858
1957	1895730	1896284	193648	193094	1498
1958	1896330	1896818	193048	192560	1497
1959	1896886	1897806	192492	191572	313
1960	1897803	1898744	191575	190634	1496
1961	1898830	1899255	190548	190123	1137
1962	1899309	1900178	190069	189200	1059
1963	1900171	1900881	189207	188497	1136
1964	1901205	1901720	188173	187658	1495
1965	1901783	1902706	187595	186672	683
1966	1902746	1903273	186632	186105	684
1967	1903277	1904434	186101	184944	685
1968	1904431	1905462	184947	183916	314

1969	1905501	1906337	183877	183041	1060
1970	1906334	1907098	183044	182280	1857
1971	1907089	1908066	182289	181312	1135
1972	1908127	1909461	181251	179917	1134
1973	1909517	1910014	179861	179364	686
1974	1910023	1910727	179355	178651	315
1975	1912010	1912546	177368	176832	687
1976	1912651	1912902	176727	176476	316
1977	1912921	1913589	176457	175789	1133
1978	1913472	1914050	175906	175328	1494
1979	1914387	1914812	174991	174566	1493
1980	1914882	1916204	174496	173174	1492
1981	1916252	1916479	173126	172899	688
1982	1916521	1917351	172857	172027	317
1983	1917310	1917879	172068	171499	1132
1984	1918215	1918709	171163	170669	1061
1985	1918693	1920390	170685	168988	1131
1986	1920429	1921331	168949	168047	1491
1987	1921407	1923065	167971	166313	1490
1988	1923377	1923970	166001	165408	1856
1989	1923967	1924317	165411	165061	1130
1990	1924478	1926250	164900	163128	689
1991	1926252	1926566	163126	162812	1062
1992	1926707	1929025	162671	160353	690
1993	1929037	1930491	160341	158887	1129
1994	1930573	1930920	158805	158458	318
1995	1930917	1931588	158461	157790	1063
1996	1931535	1932002	157843	157376	1489
1997	1932193	1932927	157185	156451	319
1998	1932928	1933236	156450	156142	1128
1999	1933306	1933578	156072	155800	320
2000	1933671	1934051	155707	155327	1064
2001	1934029	1935735	155349	153643	1127
2002	1935745	1936650	153633	152728	1126

2003	1936888	1937835	152490	151543	1125
2004	1937965	1939305	151413	150073	1124
2005	1941378	1941863	148000	147515	1065
2006	1942184	1942507	147194	146871	691
2007	1942618	1944576	146760	144802	1123
2008	1944729	1945865	144649	143513	1488
2009	1945993	1946349	143385	143029	1122
2010	1947328	1948446	142050	140932	321
2011	1948368	1949834	141010	139544	1066
2012	1949788	1951875	139590	137503	1121
2013	1951825	1953192	137553	136186	322
2014	1953189	1954478	136189	134900	1067
2015	1954540	1955208	134838	134170	323
2016	1955253	1957394	134125	131984	1068
2017	1957397	1958206	131981	131172	1855
2018	1958454	1958975	130924	130403	1487
2019	1959384	1959980	129994	129398	1486
2020	1959997	1960209	129381	129169	1120
2021	1961911	1965690	127467	123688	1119
2022	1962226	1962360	127152	127018	324
2023	1964567	1964629	124811	124749	692
2024	1965873	1966658	123505	122720	1069
2025	1966899	1969403	122479	119975	1070
2026	1969396	1970652	119982	118726	325
2027	1970804	1971262	118574	118116	693
2028	1971328	1971672	118050	117706	326
2029	1971682	1972395	117696	116983	327
2030	1972493	1973851	116885	115527	694
2031	1974299	1975357	115079	114021	1854
2032	1975695	1977017	113683	112361	1071
2033	1976971	1977399	112407	111979	1118
2034	1977396	1977704	111982	111674	1485
2035	1977819	1978400	111559	110978	1484
2036	1978397	1978993	110981	110385	1853

2037	1978966	1979769	110412	109609	1117
2038	1979866	1980489	109512	108889	328
2039	1980484	1980942	108894	108436	1116
2040	1980946	1981878	108432	107500	1115
2041	1981986	1982897	107392	106481	1072
2042	1982894	1983307	106484	106071	695
2043	1983573	1984325	105805	105053	1483
2044	1984369	1985724	105009	103654	1114
2045	1985942	1987522	103436	101856	696
2046	1987535	1988848	101843	100530	1852
2047	1988883	1989671	100495	99707	1482
2048	1989712	1990701	99666	98677	1113
2049	1991043	1992029	98335	97349	1481
2050	1992178	1993323	97200	96055	1112
2051	1993320	1993928	96058	95450	1480
2052	1993956	1994684	95422	94694	1479
2053	1994681	1995694	94697	93684	1851
2054	1995731	1997062	93647	92316	1850
2055	1997062	1999713	92316	89665	1111
2056	1999710	2001092	89668	88286	1478
2057	2001233	2003020	88145	86358	1849
2058	2003136	2003711	86242	85667	1073
2059	2003696	2004217	85682	85161	697
2060	2004220	2004576	85158	84802	1110
2061	2004890	2004943	84488	84435	698
2062	2005188	2006615	84190	82763	1477
2063	2006536	2009136	82842	80242	329
2064	2009133	2010641	80245	78737	1074
2065	2010697	2012013	78681	77365	330
2066	2012072	2012314	77306	77064	699
2067	2012311	2012514	77067	76864	1109
2068	2012712	2013572	76666	75806	1476
2069	2013609	2014661	75769	74717	1475
2070	2014525	2015568	74853	73810	1108

2071	2015632	2016564	73746	72814	1107
2072	2016684	2017421	72694	71957	1075
2073	2017378	2018802	72000	70576	331
2074	2019182	2019406	70196	69972	1848
2075	2019763	2020425	69615	68953	1106
2076	2020435	2021076	68943	68302	1105
2077	2021157	2021522	68221	67856	1076
2078	2021495	2022214	67883	67164	700
2079	2022269	2023111	67109	66267	701
2080	2025340	2025417	64038	63961	332
2081	2028631	2028912	60747	60466	333
2082	2028914	2029489	60464	59889	702
2083	2029483	2030094	59895	59284	1104
2084	2030142	2031023	59236	58355	1474
2085	2031138	2032727	58240	56651	1077
2086	2032734	2033420	56644	55958	1473
2087	2033501	2034466	55877	54912	703
2088	2034330	2035610	55048	53768	1078
2089	2035637	2036254	53741	53124	704
2090	2036331	2036594	53047	52784	1079
2091	2036609	2037244	52769	52134	705
2092	2037290	2038219	52088	51159	706
2093	2038219	2039394	51159	49984	334
2094	2039429	2040040	49949	49338	707
2095	2039994	2040326	49384	49052	1080
2096	2040316	2040816	49062	48562	1103
2097	2040797	2041732	48581	47646	1847
2098	2043010	2044203	46368	45175	1102
2099	2044340	2045170	45038	44208	708
2100	2045127	2046032	44251	43346	1472
2101	2046077	2047399	43301	41979	709
2102	2047406	2047780	41972	41598	710
2103	2047777	2048313	41601	41065	1101
2104	2048320	2049099	41058	40279	1100

2105	2049106	2049471	40272	39907	1099
2106	2050697	2051614	38681	37764	711
2107	2051664	2051900	37714	37478	1081
2108	2051888	2052298	37490	37080	712
2109	2052295	2053014	37083	36364	335
2110	2053125	2053190	36253	36188	1082
2111	2055992	2057146	33386	32232	1846
2112	2057204	2057467	32174	31911	1845
2113	2057477	2058655	31901	30723	1844
2114	2058742	2059149	30636	30229	1098
2115	2059310	2059501	30068	29877	713
2116	2059560	2060801	29818	28577	1083
2117	2060819	2061598	28559	27780	714
2118	2061501	2061911	27877	27467	1084
2119	2061997	2062446	27381	26932	1097
2120	2062448	2062966	26930	26412	1843
2121	2062966	2063607	26412	25771	1096
2122	2063612	2064214	25766	25164	1842
2123	2064280	2065428	25098	23950	1095
2124	2065471	2066778	23907	22600	1094
2125	2066863	2067558	22515	21820	336
2126	2067623	2068384	21755	20994	715
2127	2068384	2069838	20994	19540	337
2128	2069828	2070184	19550	19194	1841
2129	2070189	2070728	19189	18650	1471
2130	2070778	2071599	18600	17779	1093
2131	2071722	2072069	17656	17309	1085
2132	2072066	2072986	17312	16392	716
2133	2073002	2073490	16376	15888	717
2134	2073534	2073737	15844	15641	1470
2135	2074012	2075424	15366	13954	338
2136	2075557	2076162	13821	13216	339
2137	2076199	2076411	13179	12967	1092
2138	2076528	2076959	12850	12419	1086

2139	2076986	2077663	12392	11715	718
2140	2077703	2078152	11675	11226	719
2141	2078164	2078964	11214	10414	1091
2142	2079001	2080026	10377	9352	1090
2143	2080319	2082169	9059	7209	720
2144	2082376	2082897	7002	6481	340
2145	2082919	2083284	6459	6094	1089
2146	2083288	2084007	6090	5371	1088
2147	2084057	2085316	5321	4062	1840
2148	2085470	2087110	3908	2268	721
2149	2087216	2088568	2162	810	1839
2150	2088670	2088921	708	457	341
2151	2088905	2089378	473	0	722

における遺伝子番号(1)～(2151)の配列からなる群より選択される。1つの実施形態では、このような領域は、遺伝子番号(1)～(2151)からなる群より選択される。

【0104】

ここで、上記表中、翻訳されたアミノ酸配列は、通常メチオニンで始まり、「アミノ酸配列番号 Y（配列番号 2～341、343～722、724～1086、1088～1468、1470～1837 および 1839～2157）」として同定されるが、他のリーディングフレームもまた、公知の分子生物学技術を使用して容易に翻訳され得る。別のオープンリーディングフレームによって生成されるポリペプチドもまた、本発明の範囲内に入ることが企図される。

【0105】

本明細書において開示された配列の正確さは十分であり、当該分野において周知の種々の用途および以下でさらに記載される種々の用途に適切である。例えば、配列番号 1 のオープンリーディングフレーム領域の配列は、そのオープンリーディングフレームにおいて含まれる核酸配列に含まれる cDNA を検出する核酸ハイブリダイゼーションプローブを設計するために有用である。これらのプローブはまた、生物学的サンプル中の核酸分子にハイブリダイズし、それによって本発明の種々の法医学的方法、および診断方法を可能にする。同様に、配列番号 Z から同定されるポリペプチドは、例えば、本明細書において同定されるオープンリーディングフレームによってコードされるタンパク質（ポリペプチドおよび分泌タンパク質を含む）に特異的に結合する抗体を作製するために使用され得る。

【0106】

本発明者らは、配列決定に際して細心の注意を払って分析を行った。しかし、配列決定反応によって生成される DNA 配列は、配列決定の誤差を含み得る。この誤差は、誤って同定されたヌクレオチドとして、または生成された DNA 配列におけるヌクレオチドの挿入もしくは欠失として存在する。誤って挿入されたか、または欠失されたヌクレオチドは、推定アミノ酸配列のリーディングフレームにおいてフレームシフトを引き起こす。これらの場合において、作製される DNA 配列が、実際の DNA 配列と 99.9%（例えば、1000 塩基を超えるオープンリーディングフレームにおける 1 塩基の挿入または欠失）を超えて同一であり得るとしても、推定アミノ酸配列は、実際のアミノ酸配列とは異なる。

【0107】

従って、ヌクレオチド配列またはアミノ酸配列における正確さを必要とするこ

これらの適用のために、本発明は、配列番号1および1087のヌクレオチド配列、ならびに配列番号2～341、343～722、724～1086、1088～1468、1470～1837および1839～2157として同定される翻訳されたアミノ酸配列のみならず、特許生物寄託センターに受託番号FERMP-15007として寄託された本発明の*Thermococcus kodakaraensis* KOD1のゲノム中に含まれる核酸配列およびそれによってコードされるアミノ酸配列もまた提供する。当業者は、そのようなより正確な配列を寄託された本発明の*Thermococcus kodakaraensis* KOD1の配列を配列決定することによって判定することができる。本発明においてまた提供されるものは、対立遺伝子変異体、オルソログ、および／または種ホモログである。

【0108】

別の局面において、本発明は、配列番号1または1087に示される配列を有する、核酸分子自体を提供する。この核酸分子自体は、本発明の遺伝子ターゲティング破壊方法において有用である。

【0109】

本発明はまた、別の局面において、配列番号1または1087に示される配列の少なくとも8の連続する核酸配列を含む、核酸分子を提供する。

【0110】

本明細書において用語「プローブ」とは、可変の長さの核酸配列であって、ある特定の配列を探索するために使用されるものをいう。プローブは、好ましくは、用途に依存するが、少なくとも約8ヌクレオチド、少なくとも約10ヌクレオチド、少なくとも約15ヌクレオチド、少なくとも約20ヌクレオチド、少なくとも約30ヌクレオチド、少なくとも約40ヌクレオチド、少なくとも約50ヌクレオチド、約100ヌクレオチドであってもよく、または約6,000ヌクレオチドであってもよい。プローブは、同一、類似または相補的な核酸配列の検出において使用される。より長いプローブは、通常、天然供給源または組換え供給源から入手され、非常に特異的であり、オリゴマーよりもはるかに遅くハイブリダイズする。プローブは、一本鎖または二本鎖であり得、そしてPCR、メンブ

レンベースのハイブリダイゼーション技術またはELISAのような技術において特異性を有するように設計される。

【0111】

本明細書において用語「プライマー」とは、可変の長さの核酸配列であって、PCRなどの核酸の合成反応にあたりポリヌクレオチド鎖がのびていく出発点として働くポリヌクレオチドをいう。プライマーは、好ましくは、用途に依存するが、少なくとも約6ヌクレオチド、少なくとも約7ヌクレオチド、少なくとも約8ヌクレオチド、少なくとも約9ヌクレオチド、少なくとも約10ヌクレオチド、少なくとも約15ヌクレオチド、少なくとも約17ヌクレオチド、少なくとも約20ヌクレオチド、少なくとも約30ヌクレオチド、少なくとも約40ヌクレオチド、少なくとも約50ヌクレオチド、約100ヌクレオチドであってもよく、または約6,000ヌクレオチドであってもよい。

【0112】

1つの局面において、本発明は、上述の表1に記載される遺伝子番号(1)～(2151)のいずれかのアミノ酸配列(配列番号2～341、343～722、724～1086、1088～1468、1470～1837および1839～2157)を有するポリペプチドを提供する。本発明のポリペプチドは、好ましくは、他のタンパク質に融合される。これらの融合タンパク質は、種々の適用に使用され得る。例えば、本発明のポリペプチドの、Hisタグ、HAタグ、プロテインA、IgGドメイン、およびマルトース結合タンパク質への融合は、精製を容易にする(EP A 394,827もまた参照のこと; Traunckerら、Nature、331:84-86(1988))。

【0113】

別の局面において、本発明は、上述の表1に記載される遺伝子番号(1)～(2151)のいずれかのアミノ酸配列(配列番号2～341、343～722、724～1086、1088～1468、1470～1837および1839～2157)の少なくとも3アミノ酸配列を含むペプチド分子を提供する。そのようなペプチド分子は、エピトープとして使用され得る。好ましくは、そのようなペプチド分子は、少なくとも約4アミノ酸配列、少なくとも約5アミノ酸配列、

少なくとも約6アミノ酸配列、少なくとも約7アミノ酸配列、少なくとも約8アミノ酸配列、少なくとも約9アミノ酸配列、少なくとも約10アミノ酸配列、少なくとも約15アミノ酸配列、少なくとも約20アミノ酸配列、少なくとも約30アミノ酸配列、少なくとも約40アミノ酸配列、少なくとも約50アミノ酸配列、少なくとも約100アミノ酸配列含み得る。より長いほうが特異性が高い。

【0114】

用語「エピトープ」とは、本明細書中で使用される場合、動物において、好ましくは哺乳動物において、そして最も好ましくはヒトにおいて抗原性活性または免疫原性活性を有するポリペプチドの部分进行。好ましい実施形態において、本発明は、エピトープを含むポリペプチド、およびこのポリペプチドをコードするポリヌクレオチドを含む。「免疫原性エピトープ」とは、本明細書中で使用される場合、当該分野で公知の任意の方法によって決定されるような（例えば、下記に記載される抗体を産生するための方法による）、動物における抗体応答を誘発するタンパク質の一部として定義される（例えば、Geysenら、Proc. Natl. Acad. Sci. USA 81:3998-4002 (1983)を参照のこと）。用語「抗原性エピトープ」とは、本明細書中で使用される場合、当該分野で周知の任意の方法（例えば、本明細書中に記載される免疫アッセイによる）によって決定されるような、抗体がその抗原に免疫特異的に結合し得るタンパク質の一部として定義される。免疫特異的結合は、非特異的結合は除外するが、他の抗原との交差反応を除外する必要はない。抗原性エピトープは、免疫原性である必要はない。

【0115】

エピトープとして機能するフラグメントは、任意の従来の方法によって産生され得る。（例えば、Houghten, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 82:5131-5135 (1985)を参照のこと。これはさらに、米国特許第4,631,211号に記載される）。

【0116】

本発明においては、抗原性エピトープは、通常3アミノ酸、好ましくは、少なくとも4、少なくとも5、少なくとも6、少なくとも7アミノ酸配列を含み、よ

り好ましくは、少なくとも8、少なくとも9、少なくとも10、少なくとも11、少なくとも12、少なくとも13、少なくとも14、少なくとも15、少なくとも20、少なくとも25、少なくとも30、少なくとも40、少なくとも50アミノ酸配列を含み、そして最も好ましくは約15アミノ酸と約30アミノ酸との間の配列を含む。免疫原性エピトープまたは抗原性エピトープを含有する好ましいポリペプチドは、少なくとも10、15、20、25、30、35、40、45、50、55、60、65、70、75、80、85、90、95または100アミノ酸残基の長さである。さらなる非排他的に好ましい抗原性エピトープは、本明細書中で開示される抗原性エピトープおよびその一部を含む。抗原性エピトープは、有用である（例えば、エピトープに特異的に結合する抗体（モノクローナル抗体を含む）を惹起するため）。好ましい抗原性エピトープは、本明細書中で開示される抗原性エピトープ、および2、3、4、5以上のこれらの抗原性エピトープの任意の組合わせを含む。抗原性エピトープは、イムノアッセイにおいて、標的分子として使用され得る。（例えば、Wilsonら、Cell 37:767-778（1984）；Sutcliffeら、Science 219:660-666（1983）を参照のこと）。

【0117】

同様に、免疫原性のエピトープを使用して、例えば、当該分野で周知の方法に従って抗体を誘導し得る。（例えば、Sutcliffeら（前出）；Wilsonら（前出）；Chowら、Proc. Natl. Acad. Sci. USA 82:910-914；およびBittleら、J. Gen. Virol. 66:2347-2354（1985）を参照のこと）。好ましい免疫原性エピトープは、本明細書で開示された免疫原性エピトープ、ならびにこれらの免疫原性エピトープの2つ、3つ、4つ、5つ以上の任意の組み合わせを含む。1つ以上の免疫原性エピトープを含むポリペプチドは、キャリアタンパク質（例えば、アルブミン）とともに動物系（例えば、ウサギまたはマウス）に対する抗体応答を惹起するために提示され得るか、または、そのポリペプチドが十分に長い場合は（少なくとも約25アミノ酸）、このポリペプチドはキャリアなしで提示され得る。しかし、8～10程度のわずかなアミノ酸を含む免疫原性エピトープが、

変性されたポリペプチドの直鎖エピトープに（少なくとも）結合し得る抗体を惹起するのに十分であることが示された（例えば、ウエスタンブロッティングにおいて）。

【0118】

本発明のエピトープ保有ポリペプチドは、当該分野で周知の方法に従って抗体を誘導するために使用され得る。この方法としては、インビボ免疫、インビトロ免疫、およびファージディスプレイ法が挙げられるが、それらに限定されない。例えば、Sutcliffeら、前出；Wilsonら、前出；およびBittleら、J. Gen. Virol., 66:2347-2354 (1985)を参照のこと。インビボ免疫を使用する場合、動物を遊離ペプチドを用いて免疫し得る；しかし、抗ペプチド抗体力価は、高分子キャリア（例えば、キーホールリンペットヘモシアニン（hemacyanin）（KLH）または破傷風トキソイド）にペプチドを結合させることによりブーストされ得る。例えば、システイン残基を含むペプチドは、マレイミドベンゾイル-N-ヒドロキシスクシンイミドエステル（MBS）のようなリンカーを用いてキャリアに結合され得る。その一方、他のペプチドは、より一般的な結合剤（例えば、グルタルアルデヒド）を用いてキャリアに結合され得る。ウサギ、ラット、およびマウスのような動物は、遊離のペプチドまたはキャリア結合ペプチドのいずれかを用いて、例えば、エマルジョン（約100 μ gのペプチドまたはキャリアタンパク質およびフロイントアジュバントまたは免疫応答を刺激すると知られる任意の他のアジュバントを含む）の腹腔内注射および／または皮内注射により免疫される。いくつかのブースター注射が、抗ペプチド抗体の有用な力価を提供するために、例えば、約2週間の間隔で、必要とされ得る。この力価は、例えば、固体表面に吸着した遊離のペプチドを用いるELISAアッセイにより検出され得る。免疫した動物由来の血清中の抗ペプチド抗体の力価は、抗ペプチド抗体の選択（例えば、当該分野で周知の方法に従う固体支持体上のペプチドの吸着および選択された抗体の溶出による）により上昇し得る。

【0119】

当業者に理解されるように、そして上記で考察されるように、免疫原性エピト

ープまたは抗原性エピートープを含む本発明のポリペプチドは、他のポリペプチド配列に融合され得る。例えば、本発明のポリペプチドは、免疫グロブリン (I g A、I g E、I g G、I g M) の定常ドメインまたはそれらの部分 (C H 1、C H 2、C H 3、またはそれらの任意の組み合わせおよびそれらの部分)、あるいはアルブミン (組換えアルブミン (例えば、1999年3月2日発行の米国特許第5,876,969号、欧州特許第0 413 622号、および1998年6月16日発行の米国特許第5,766,883号 (これらは、本明細書によってその全体において参考として援用される) を参照のこと) を含むが、限定はされない) と融合され得、キメラポリペプチドを生じる。このような融合タンパク質は、精製を容易にし得、そしてインビボでの半減期を増大させ得る。これは、ヒトCD4-ポリペプチドの最初の2つのドメインおよび哺乳動物の免疫グロブリンの重鎖または軽鎖の定常領域の種々のドメインからなるキメラタンパク質について示されている。例えば、E P 394,827; Traunckerら、Nature, 331:84~86 (1988) を参照のこと。上皮の障壁を横切る抗原の免疫系への増強された送達は、I g GまたはF cフラグメントのようなF c R n結合パートナーへ結合された抗原 (例えば、インシュリン) について実証された (例えば、P C T公開WO96/22024および同WO99/04813を参照のこと)。I g G部分のジスルフィド結合に起因するジスルフィド結合二量体構造を有するI g G融合タンパク質はまた、単量体ポリペプチドまたはそれらのフラグメント単独よりも、他の分子の結合および中和においてより効果的であることが見出された。例えば、Fountoulakisら、J. Biochem., 270:3958-3964 (1995) を参照のこと。上記のエピートープをコードする核酸はまた、エピートープタグ (例えば、赤血球凝集素 (「HA」) タグまたはフラッグ (f l a g) タグ) として目的の遺伝子と組換えられ、発現されたポリペプチドの検出および精製を補助し得る。例えば、Janknechtらによって記載される系は、ヒト細胞株中で発現される非変性融合タンパク質の容易な精製を可能にする (Janknecht ら、1991、Proc. Natl. Acad. Sci. USA 88:8972-897) 。この系において、目的の遺伝子はワクシニア組換えプラスミドへサブクローン化

され、その結果、この遺伝子のオープンリーディングフレームが、6つのヒスチジン残基からなるアミノ末端タグへ翻訳時に融合される。このタグは、融合タンパク質についての基質結合ドメインとしての機能を果たす。組換えワクシニアウイルスを用いて感染された細胞からの抽出物は、 Ni^{2+} ニトリロ酢酸-アガロースカラム上へロードされ、そしてヒスチジンタグ化タンパク質は、イミダゾール含有緩衝液を用いて選択的に溶出され得る。

【0120】

「単離された」核酸分子は、この核酸の天然の供給源中に存在するその他の核酸分子から分離されているものである。単離された核酸分子の例としては、ベクター中に含まれる組換えDNA分子、異種宿主細胞中に維持される組換えDNA分子、部分的または実質的に精製された核酸分子、および合成DNAまたはRNA分子が挙げられるが、これらに限定されない。好ましくは、「単離された」核酸は、この核酸が由来する生物のゲノムDNA中でこの核酸に天然で隣接する配列（すなわち、この核酸の5'末端および3'末端に位置する配列）がない。例えば、種々の実施形態で、単離されたNOVX核酸分子は、核酸が由来する細胞のゲノムDNA中の核酸分子に天然で隣接する、約50kb、25kb、5kb、4kb、3kb、2kb、1kb、0.5kbまたは0.1kbより少ないヌクレオチド配列を含み得る。さらに、「単離された」核酸分子、例えば、cDNA分子は、組換え技法により産生されるとき、その他の細胞物質または培養培地を実質的に含まないか、または化学的に合成されるとき、化学物質前駆体もしくはその他の化学物質を実質的に含まないものであり得る。

【0121】

別の局面において、本発明は、表1における遺伝子番号(1)～(2151)（配列番号2～341、343～722、724～1086、1088～1468、1470～1837、および1839～2157からなる群より選択される少なくとも1つのアミノ酸配列）の配列からなる群より選択される少なくとも1つの配列またはその配列と70%相同な配列あるいはその一部をコードする、核酸分子を提供する。

【0122】

別の局面において、本発明は、表1における遺伝子番号(1)～(2151)
(配列番号2～341、343～722、724～1086、1088～1468、1470～1837、および1839～2157からなる群より選択される少なくとも1つのアミノ酸配列)の配列からなる群より選択される少なくとも1つの配列またはその配列と70%相同な配列あるいはその一部を含む、ポリペプチドを提供する。

【0123】

別の局面において、本発明は、表1における遺伝子番号(1)～(2151)
(配列番号2～341、343～722、724～1086、1088～1468、1470～1837、および1839～2157からなる群より選択される少なくとも1つのアミノ酸配列)の配列からなる群より選択される少なくとも1つの配列またはその配列と70%相同な配列あるいはその一部を含む、エピトープを提供する。

【0124】

別の局面において、耐熱性タンパク質をスクリーニングする方法を提供する。ここでこの方法は、1)耐熱性生物のゲノムの全配列を提供する工程；2)上記配列の任意の少なくとも1つの領域を選択する工程；3)上記選択された領域と相同な配列、および上記耐熱性タンパク質の候補をコードする遺伝子を含むベクターを提供する工程；4)上記ベクターで上記生物を形質転換する工程；5)上記耐熱性生物を相同的組換えが生じる条件下に配置する工程；6)相同的組換えが起きた上記耐熱性生物を選択する工程；および7)上記耐熱性タンパク質を同定するアッセイを行う工程、を包含する。ここで、ゲノムの全配列は、完全な配列でなくてもよいが、好ましくは完全な配列である。ここで、選択される領域は、好ましくは2つの領域またはそれを超える領域であり得る。領域の長さは相同的組換えが生じる限りどのような長さでもよく、例えば、少なくとも約500塩基、少なくとも約600塩基、少なくとも約700塩基、少なくとも約800塩基、少なくとも約900塩基、少なくとも約1000塩基、少なくとも約2000塩基などであり得る。上述の耐熱性タンパク質の候補は、発現が予測される限り、本発明のどのようなタンパク質であってもよい。ベクターはそのタンパク質

を発現させることができる限りどのようなベクターであってもよい。

【0125】

ベクターには好ましくは、プロモーターのような遺伝子調節エレメントが含まれ得る。形質転換は適切な条件であればどのような条件であってもよい。

【0126】

相同的組換えが生じる条件とは、相同的組換えが起きる条件であればどのような条件であってもよく、通常は、以下のような条件でよい。

Tk-pyrF欠損株No. 25、No. 27をASW-YT液体培地20mlで培養

↓

1 サンプルにつき培養液3mlより集菌 (No. 25、No. 27各5サンプル)

↓

0.8×ASW+80mM CaCl₂ 200 μlに懸濁し、氷上で30min静置

↓

pUC118/DS、pUC118/DDを3 μg混合し、氷上で1h静置

(同一サンプルを2つずつ。ControlにはTE bufferを等量加えた)

↓

85℃、45sでheat shock

↓

氷上で10min静置

↓

Ura—ASW-AA液体培地で前培養 (持ち込みのウラシルにより増殖)

↓

Ura—ASW-AA液体培地で培養 (PyrF+株を濃縮)

↓

Ura—ASW-AA固体培地で培養

という条件が挙げられるがそれらに限定されない。ここで、上記ASW (人工海水) の組成は以下のとおりである: 1×人工海水 (Artificial sea water (ASW))

(/L): NaCl 20g; MgCl₂ · 6H₂O 3g; MgSO₄ · 7H₂O 6g; (NH₄)₂SO₄ 1g; NaHCO₃ 0.2g;
CaCl₂ · 2H₂O 0.3g; KCl 0.5g; NaBr 0.05g; SrCl₂ · 6H₂O 0.02g; およびFe(NH

4) クエン酸 0.01g。

【0127】

相同的組換えが起きた生物を選択する方法は、相同的組換えが起きた生物に特有のマーカを検出することによって行われ得る。従って、相同的組換えが起きた生物に発現されるようなマーカを上述のベクターに含ませておくことが好ましくあり得る。

【0128】

耐熱性のタンパク質の同定は、そのタンパク質が通常活性を発揮すると考えられている条件において、温度のみを例えば、約50℃、好ましくは約60℃、より好ましくは約70℃、さらに好ましくは約80℃、もっとも好ましくは約90℃に上昇させた条件であっても、活性がみられることを確認することによって行うことができる。

【0129】

別の局面において、本発明は、耐熱性タンパク質をスクリーニングするキットを提供する。このキットは、1) 耐熱性生物；ならびに2) 上記耐熱性生物において選択されたある領域と相同な配列、および上記耐熱性タンパク質の候補をコードする遺伝子を含むベクター、を備える。

【0130】

好ましい実施形態において、この耐熱性生物は、超好熱始原菌であり、より好ましくは *Thermococcus kodakaraensis* KOD1 である。

【0131】

好ましい実施形態において、本発明のキットは、3) 上記耐熱性タンパク質を同定するためのアッセイシステム、をさらに備える。このアッセイシステムは、その耐熱性タンパク質の活性によって変動する。

【0132】

(各遺伝子の説明)

以下に、本発明において同定された *Thermococcus kodakaraensis* KOD1 株のゲノム配列に含まれていた各遺伝子についての説

明を付す。

【0133】

(超好熱菌のゲノムの概論)

超好熱菌の染色体DNAは安定である。DNAの二本鎖は水素結合で維持されているため、高温環境では一本鎖に解離するのではないかという素朴な疑問が生じる。KOD1株には2種の塩基性ヒストン様タンパクが存在し、これが負に荷電しているDNAに結合することにより、ヌクレオソーム様複合体を形成してコンパクト化することにより安定化している。本発明によって、さらにポリアミンがこれに結合して安定化を促進していることもさらに明らかにできた。なおアセチル化されたポリアミン（アセチルポリアミン）はヌクレオソーム様複合体への結合能が弱いため、脱アセチル化酵素の働きにより得られたポリアミンがより強固に結合できるようになっている。一般的に超好熱菌の細胞内K⁺イオン濃度は常温菌の場合よりはるかに高いので、二本鎖DNAの安定化にも貢献していることは間違いない。実際DNAの融解曲線を調べるとこれらの特性が明らかに示されている。

【0134】

(耐熱性についての普遍性)

本発明者はKOD1株の *glutamate dehydrogenase* (GDH) の研究を通じて、超好熱菌由来タンパク質に普遍的な特性を発見した。すなわち、常温菌由来のタンパク質は一般に熱により変性するのに対し、超好熱菌由来の組換えタンパク質は熱により成熟していくことを明らかにした。KOD1株内の高温環境で合成されたGDHは6量体構造を有し、高い比活性を示す。一方、GDH遺伝子を大腸菌を宿主として発現させた場合では、天然型のGDHと比べて酵素活性が低く、構造の異なる単量体タンパク質が得られた。そこで70℃、20分の熱処理を施すと組換え型GDHは比活性、立体構造ともに天然型のGDHに近づくことが明らかとなった。また、一度熱処理を行うことにより、本酵素は低温域でも天然型GDHと類似した挙動をした。このような特徴はGDHのみならず、本発明者らが解析した超好熱菌由来酵素の全てについて認められた。以上のことから、耐熱性タンパク質の成熟化には熱が重要であり、それは熱

による酵素タンパク質の不可逆な構造変換に起因することが判明した。

(新しい構造や機能特性を有する酵素の発見)

リブローズ1, 5-二リン酸カルボキシラーゼ (R u b i s c o) は全ての植物・藻類・藍藻に存在し、二酸化炭素を有機物に固定する重要な役割を担っている。R u b i s c o は地球上で最も多量に存在する酵素であり、本酵素の改良は地球温暖化や食糧問題の解決に大きく貢献すると期待されている。いままで原始生命体に近い始原菌はR u b i s c o を有しないと考えられてきたが、本発明者らはK O D 1株内に高い炭酸固定能を有するR u b i s c o が存在することを発見した。この酵素 (T k - R u b i s c o) は従来のR u b i s c o と比較して20倍も高い活性を有し、二酸化炭素に対する特異性も極めて高いことが判明した。T k - R u b i s c o は構造的にも新規であり、前例のない五角形型10量体構造をとっていた。現在は本酵素の生理的役割の解明とともに、植物などの光合成生物への導入を進めている。

【0135】

(構造解析に基いた超好無菌由来タンパク質の耐熱性機構の解明)

超好熱菌由来タンパク質が示す高度な耐熱性は、タンパク質科学の基礎分野のみならず、酵素を利用する様々な応用分野から注目を集めている。本発明者らは多数のK O D 1株由来酵素の立体構造を明らかにしており、それらの耐熱性機構を解明することができた。代表的な例としてO⁶-メチルグアニン-DNAメチルトランスフェラーゼ (T k - M G M T) が挙げられる。T k - M G M T とその大腸菌由来酵素 (A d a C) の立体構造を比較すると、T k - M G M T には α -ヘリックスを安定化するヘリックス内イオン結合が多数存在することが判明した。また、タンパク質全体の構造を安定化するヘリックス間イオン結合も多く存在していた。大腸菌由来A d a Cにはこのようなイオン結合は少なく、超好熱菌由来酵素は多数のイオン結合やイオン結合ネットワークにより高度な耐熱性を発揮していることが判った。これは上述のG D Hにおいても同様であり、生化学的にも証明することができた。すなわち、G D H内に存在するイオン結合ネットワークを壊すような部位特異的変異を導入した場合には、変異酵素の熱安定性が大きく低下した。逆にイオン結合を増加させた変異酵素の耐熱性は上昇した。

【0136】

(有用酵素の利用)

ポリメラーゼ連鎖反応 (PCR法) は遺伝子操作技術にもはや不可欠な技術の1つとなっており、その応用は医療、環境、食糧など様々な分野に及んでいる。現在、PCR法に求められている改良点は増幅時間の短縮、誤増幅の防止、長いDNA断片の増幅である。特に臨床検査、食品検査では速く、正確にDNAを合成するDNAポリメラーゼが要求されている。本発明者らはKOD1株のDNAポリメラーゼ (KOD DNAポリメラーゼ) の機能解析を行った結果、本酵素は従来酵素と比較してDNAの合成速度が速く、長いDNAを合成する能力も高いことを見いだした。実際、KOD1株のDNAポリメラーゼを用いると、従来のTaq酵素で2時間かかっていたPCRの反応時間を約25分に短縮できた。また、KOD DNAポリメラーゼの3' → 5' エキソヌクレアーゼ活性を欠失させた改変型酵素と野生型酵素とを最適な割合で混合することにより、より優れた反応効率・伸長性を得ることができた。本発明者らはさらにKOD DNAポリメラーゼの抗体を用いることにより、PCR反応の初期に見られる誤増幅を抑え、極めて正確で効率の良いDNA増幅系を確立することができた。本システムは東洋紡績社から「KOD-Plus」システムとして上梓中であり、またLife Technologies/GIBCO BRL社より「Platinum™ Pfx DNA polymerase」として欧米各国で販売されている。最近本発明者らはさらにKOD DNAポリメラーゼの結晶化・X線構造解析を行い、その立体構造を決定した。詳細な立体構造に基いて、本酵素の伸長反応の速さ、複製能力の正確さなどがどのような構造に起因するかを解明することができた。

【0137】

本発明者らはDNAポリメラーゼ以外にも多数の有用耐熱性酵素を同定解析している。DNAリガーゼは2つのDNA断片の末端を結合させる反応を触媒し、本酵素も遺伝子組換え技術の中で不可欠な酵素である。従来から使用されている細菌やファージ由来酵素のほとんどが熱に弱く、不安定なものであるが、KOD1株のDNAリガーゼ (Tk-Lig) は30℃から100℃において高いDN

Aリガーゼ活性を示した。さらにT k-L i gのニック部位における基質 (b a s e-p a i r i n g) 特異性は興味深く、3' 末端に対しては厳密な塩基対形成が必要であったが、5' 末端に対しては基質特異性が甘いことが判明した。これらのような特徴をもつDNA l i g a s eは他に報告例はなく、1塩基置換 (S N P s) 検出への本酵素の応用が期待される。糖質関連酵素としては、デンプンなどに見られる α (1-4) 結合を切断する α -アミラーゼまたは環化反応を触媒してシクロデキストリンを合成するシクロデキストリングルカノトランスフェラーゼ、転移反応を触媒する4- α -グルカノトランスフェラーゼについて生化学的諸性質を明らかにしている。セルロースやキチンに見られる β (1-4) 結合を切断する β -グルコシダーゼ、キチナーゼについても詳細な解析を行った。特にK O D 1株のキチナーゼには同一ポリペプチド鎖上に2つのキチナーゼ活性ドメインが存在し、1つがエンドキチナーゼ活性、もう片方がエキソキチナーゼ活性を有した。これら2つの触媒ドメインの相乗作用により本酵素は極めて高いキチン分解活性を示す。

【0138】

(*Thermococcus kodakaraensis* K O D 1株のゲノム解析と遺伝子導入技術の開発)

本研究を通じて本発明者らはK O D 1株に関するほぼすべての遺伝子を解析し、かなりの種類のタンパク質の詳細な生化学的性質を明らかにしてきた。K O D 1株は生物の進化系統樹の根に近いところに位置する極めて単純化された生命体であり、生命の基本メカニズムを理解する上で、本菌は恰好の題材であると考えられる。また、K O D 1株は上述のように新しい特徴を有する酵素や応用可能な耐熱性酵素を多数生産している。このような背景のもと、本発明者らはK O D 1株の全ゲノム解析を進めることにした。K O D 1株のゲノムは2, 076, 138塩基対からなり、予想通り極めて短いものであった(大腸菌の40%以下)。また、遺伝子の数も少なく1500個程度であった。K O D 1株がこのような少ない数の遺伝子で生命を維持していることから、本菌の研究を通じて生命の基本原理の解明も実現可能と期待している。

【0139】

ポストゲノム研究において最も重要な研究課題は機能未知遺伝子の生理的役割を解明することである。DNA chipによる網羅的遺伝子発現解析、proteomeによる網羅的タンパク質解析はこの目的のために有効な解析法である。本発明者らもこれらの手法を用いて研究を進めているが、最近、もう1つ重要なシステムの構築に成功した。すなわちKOD1株ゲノム上の任意の遺伝子を特異的に破壊する技術である。これにより機能未知遺伝子を破壊してその影響を解析することにより、その生理的役割を明らかにすることが可能となった。

【0140】

KOD1のゲノムに含まれる遺伝子は、以下の表2に示されるように多岐にわたっている。そのような遺伝子の機能の説明は、当該分野で周知の生化学の文献（たとえば、Sambrook, J. et al. Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 3rd Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, USA (2001); Ausubel, F. et al., Short protocols in molecular biology, 4th ed. John Wiley & Sons, NJ, USA (1999); Ausubel, F., et al., Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, NJ, USA (1988); 太田次郎編、生化学ハンドブック、朝倉書店 (1987); 今堀和友、山川民夫監修、生化学辞典第3版、東京化学同人 (1998); 西塚泰美編、細胞機能と代謝マップ、東京化学同人 (1997); Lewin Genes VII, Oxford University Press, Oxford, UK (2000) など) に記載されている。また、そのようなタンパク質の機能を測定する方法は、例えば、Sambrook, J. et al. Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 3rd Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, USA (2001); Frank T., et al., Thermophiles (Archaea: A Laboratory

y Manual 3), Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, USA (1995); 丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店 (1982); Methods in Enzymology シリーズ、Academic Press; 今堀和友、山川民夫監修、生化学辞典第3版、東京化学同人 (1998); 西塚泰美編、細胞機能と代謝マップ、東京化学同人 (1997); Lengeler, J. et al. Biology of the Prokaryotes, Blackwell Science, Oxford, UK (1998); Lewin Genes VII, Oxford University Press, Oxford, UK (2000) など) に記載されている。

【0141】

このように、本発明のよってKOD1のゲノムに含まれる遺伝子はその機能がほぼ解明されたが、その機能を、以下の表にまとめる。表2に記載される領域(1)に規定される遺伝子(以下、遺伝子ID(1)とする(この遺伝子のアミノ酸配列は、表中の配列番号に示される配列番号に該当する配列である))。

【0142】

【表2】 *Thermococcus kodakaraensis* KOD1
のゲノムに含まれる遺伝子の説明

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 1/151

遺伝子番号	核酸番号(セン ス鎖、開 始)	核酸番号(アン チセンス 鎖、終 結)	核酸番号(アン チセンス 鎖、開 始)	配列 番号 対応	読み 枠	既知通 伝子と 相同性 の低い 部分の 開始核 酸番号	既知通 伝子と 相同性 の低い 部分の 終結核 酸番号	アミノ 酸最 長	遺伝子 名	分類	英語による説明	日本語による説明
1	1	5016	2089377	2084362	2	f-1	1	1216	PolB	L	DNA polymerase elongation subunit (family B) (homing endonuclease)	DNA ポリメラーゼ延長サブユニット (ファミリー B)(ホーミングエンドヌクレアーゼ)
2	5134	5733	2084244	2083645	3	f-1	5134	5707	-	R	Predicted metal-dependent hydrolase	推定金属依存性ヒドロラーゼ
3	6079	6543	2083299	2082835	1468	f-1	6424	6541	CarB	EF	Carbamoylphosphate synthase large subunit (split gene in MJ) COG0458 CarB	カルバモイルリン酸シンターゼ ラージサブユニット (MJ)におけ るスプリット遺伝子) COG0458 CarB
4	6586	7014	2082792	2082364	4	f-1	6586	7012	-	R	Predicted CoA-binding protein	推定CoA結合タンパク質
5	7152	7391	2082226	2081987	1837	f-2	7170	7338	-	R	Predicted ATPase or kinase	推定ATPアーゼまたは キナー ゼ
6	7399	7614	2081979	2081764	1467	f-1	7399	7549	RpoZ	K	DNA-directed RNA polymerase subunit K/omega	DNA指向性RNA ポリメラーゼ サブユニット K/ω
7	7655	8755	2081723	2080623	2157	f-3	7658	8726	-	L	Predicted DNA modification methylase	推定DNA 修飾メチラーゼ
8	8843	10093	2080535	2079285	343	f-2	9011	9572	-	G	Predicted N-acetylglucosaminyl transferase	推定N-アセチルグルコサミニル トランスフェラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 2/151

9	10095	10379	2079283	2078999	724	f-3	10104	10299	30	PutA	C	NAD-dependent aldehyde dehydrogenases	NAD依存性アルデヒドデヒドロゲナーゼ
10	10376	10807	2079002	2078571	344	f-2	10385	10787	161	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
11	10808	11416	2078570	2077962	2156	f-3	10859	11414	277	-	R	GTPases	GTPアーゼ
12	11406	11726	2077972	2077652	725	f-3	11445	11646	30	UgpQ	C	Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase	グリセロホスホリルジエステルのホスホジエステラーゼ
13	11723	12286	2077655	2077092	345	f-2	11759	12275	150	-	R	Predicted hydrolases of HD superfamily	推定ヒドロラーゼのHDスーパーファミリー
14	12338	13411	2077040	2075967	346	f-2	12404	13391	550	ModA	P	ABC-type molybdate transport system	ABC型モリブデン酸塩輸送系
15	13392	13841	2075986	2075537	1836	f-2	13425	13833	146	-	R	Predicted nucleic acid-binding protein	推定核酸結合タンパク質
16	13808	14056	2075570	2075322	2155	f-3	13841	14000	57	AbtB	K	Regulators of stationary/sporulation gene expression	定常期/孢子形成遺伝子発現のレギュレーター
17	14153	14896	2075225	2074482	347	f-2	14159	14885	379	CysU	P	ABC-type sulfate/molybdate transport systems	ABC型硫酸塩/モリブデン酸塩輸送系
18	15239	15964	2074139	2073414	348	f-2	15371	15962	266	-	R	Predicted ATPases	推定ATPアーゼ
19	16151	16699	2073227	2072679	349	f-2	16505	16649	29	-	R	Predicted ATPases of PP-loop superfamily	推定ATPアーゼ of PP-ループスーパーファミリー
20	16696	17697	2072682	2071681	5	f-1	16708	17686	448	CysA	P	ABC-type sulfate/molybdate transport systems	ABC型硫酸塩/モリブデン酸塩輸送系
21	17780	18793	2071598	2070585	2154	f-3	17879	18437	40	HflC	O	Membrane protease subunits	膜プロテアーゼサブユニット
22	18786	19280	2070592	2070098	1835	f-2	18792	19251	29	NqrA	C	Na ⁺ -transporting NADH:ubiquinone oxidoreductase alpha	Na ⁺ 輸送NADH:ユビキノンのシトレダクターゼαサブユニット

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 3/151

Thermococcus kodakaraensis KOD1 W/Nノムに与えられた遺伝子

												subunit	
23	19290	20183	2070088	2069195	1834	r-2		19293	19407	32	-	L	Archaea-specific RecJ-like exonuclease 古細菌特異的RecJ様エキソヌクレアーゼ
24	20183	21187	2069195	2068191	2153	r-3		20645	20885	40	Pnp	J	Polyribonucleotide nucleotidyltransferase (polynucleotide phosphorylase) ポリリボヌクレオチドヌクレオチジルトランスフェラーゼ (ポリヌクレオチドホスホリラーゼ)
25	21266	21919	2068112	2067459	2152	r-3		21269	21908	223	Gph	R	Predicted phosphatases 推定ホスファターゼ
26	21913	22569	2067465	2066809	1465	r-1		21931	22552	320	-	S	Uncharacterized ACR 未同定ACR
27	22597	24195	2066781	2065183	1465	r-1		22921	24193	691	SAM1	H	S-adenosylhomocysteine hydrolase S-アデノシルホモシステインヒドロラーゼ
28	23947	24834	2065431	2064544	6	f-1		23953	24808	141	GloB	R	Zn-dependent hydrolases Zn依存性ヒドロラーゼ
29	24813	25451	2064565	2063927	726	f-3		24879	25446	218	-	R	Uncharacterized ACR 未同定ACR
30	25413	25811	2063965	2063567	1833	r-2		25476	25770	159	RPR2	J	RNAse P protein subunit RPR2 RNアーゼP タンパク質 サブユニット RPR2
31	25813	27396	2063565	2061982	1464	r-1		25930	27364	295	MCM2	L	Predicted ATPase involved in replication control 複製制御に関与する推定ATPアーゼ
32	27565	28620	2061813	2060758	7	f-1		27568	28012	42	SbcC	L	ATPase involved in DNA repair DNA修復に関与するATPアーゼ
33	28591	29334	2060787	2060044	1463	r-1		28777	29116	33	UshA	F	5'-nucleotidase/2' 5'-ヌクレオチダーゼ/2'
34	29782	30681	2059596	2058697	8	f-1		29791	30655	227	-	S	Uncharacterized proteins of WD40-like repeat family WD40様リピートファミリーの未同定タンパク質
35	31102	31266	2058276	2058112	9	f-1		31102	31264	94	-	S	Uncharacterized ArCR 未同定ArCR
36	31414	32235	2057964	2057143	10	f-1		31414	32182	270	SmtA	QR	SAM-dependent methyltransferases COG0500 SmtA SAM依存性メチルトランスフェラーゼCOG0500 SmtA

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 4/151

37	32367	33251	2057011	2056127	727	f-3	32382	33087	202	FlaB	N	Archaeal flagellins (flagellin)	古細菌フラジェリン (フラジェリン =フラゲリン)
38	33291	35033	2056087	2054345	728	f-3	33309	33636	125	FlaB	N	Archaeal flagellins (flagellin)	古細菌フラジェリン (フラジェリン =フラゲリン)
39	35048	35824	2054330	2053554	350	f-2	35048	35804	206	FlaB	N	Archaeal flagellins (flagellin)	古細菌フラジェリン (フラジェリン =フラゲリン)
40	35882	36541	2053496	2052837	351	f-2	35888	36533	262	FlaB	N	Archaeal flagellins (flagellin)	古細菌フラジェリン (フラジェリン =フラゲリン)
41	36553	37380	2052825	2051998	11	f-1	36553	37378	290	FlaB	N	Archaeal flagellins (flagellin)	古細菌フラジェリン (フラジェリン =フラゲリン)
42	37394	37870	2051984	2051508	352	f-2	37541	37868	181	FlaC	N	Putative archaeal flagellar protein C	推定 古細菌鞭毛 タンパク質 C
43	37874	39298	2051504	2050080	353	f-2	38870	39296	258	FlaD	N	Putative archaeal flagellar protein D/E	推定 古細菌鞭毛 タンパク質 D/E
44	39760	40332	2049618	2049046	12	f-1	39862	40318	194	FlaG	N	Putative archaeal flagellar protein G	推定 古細菌鞭毛 タンパク質 G
45	40360	41070	2049018	2048308	13	f-1	40372	41068	385	FlaH	N	Predicted ATPases involved in biogenesis of archaeal flagella	古細菌鞭毛の生物発生に関与 する推定ATPアーゼ
46	41072	42694	2048306	2046684	354	f-2	41072	42692	905	VirB11	N	Predicted ATPases involved in pili and flagella biosynthesis	線毛 および 鞭毛合成に関 与する推定ATPアーゼ
47	42696	44444	2046682	2044934	729	f-3	42696	44436	656	FlaJ	N	Uncharacterized membrane component of archaeal flagella	古細菌鞭毛未同定膜成分
48	44441	46435	2044937	2042943	355	f-2	45869	46073	36	-	R	Predicted helicases	推定ヘリカーゼ
49	46470	46991	2042908	2042387	730	f-3	46497	46986	294	Pcm	O	Protein-L-isocapsartate carboxymethyltransferase	タンパク質-L-イソアスパラギン 酸カルボキシメチルトランス フェラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 5/151

50	47171	47416	2042207	2041962	356	f-2	47171	47321	60	SerB	E	Phosphoserine phosphatase	ホスホセリンホスファターゼ
51	47317	47799	2042061	2041579	14	f-1	47320	47794	143	SerB	E	Phosphoserine phosphatase	ホスホセリンホスファターゼ
52	47937	49139	2041441	2040239	1832	f-2	47943	49128	224	PppA	N	Signal peptidase	シグナルペプチダーゼ
53	49153	49329	2040225	2040049	1462	f-1							
54	49393	49731	2039985	2039647	15	f-1	49528	49669	28	SPS1	T	Serine/threonine protein kinases	セリン/スレオニン タンパク質 キナーゼ
55	49728	50297	2039650	2039081	731	f-3	49728	50292	246	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
56	50278	50559	2039100	2038819	1461	f-1	50290	50461	29	-	R	STAS domain protein	STAS ドメイン タンパク質
57	50693	51412	2038685	2037966	357	f-2	50705	51410	276	-	R	Predicted hydrolases of the HAD superfamily	HAD スーパーファミリーの推定 ヒドロラーゼ
58	51483	52061	2037895	2037317	1831	f-2	51492	52056	219	PgsA	I	Phosphatidylglycerophosphate synthase	ホスファチジルグリセロホスフェートシンターゼ
59	52063	52605	2037315	2036773	1460	f-1	52069	52603	276	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
60	52602	53792	2036776	2035596	1830	f-2	53523	53715	32	DnaX	L	DNA polymerase III	DNA ポリメラーゼIII
61	54169	55020	2035209	2034358	16	f-1	54250	55018	407	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
62	55058	55606	2034320	2033772	358	f-2	55322	55499	44	-	R	Predicted nucleotidyltransferases	推定ヌクレオチルトランスフェラーゼ
63	55746	56018	2033632	2033360	732	f-3	55749	56010	43	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
64	56132	56263	2033246	2033115	359	f-2							
65	56244	56708	2033134	2032670	733	f-3	56244	56661	99	-	R	Predicted nucleic acid-binding protein	推定核酸結合 タンパク質
66	56674	57267	2032704	2032111	17	f-1	56710	57265	320	NadR	H	Nicotinamide mononucleotide adenyllyltransferase	ニコチンアミドモノヌクレオチド アデニルトランスフェラーゼ
67	57264	57584	2032114	2031794	1829	f-2	57408	57528	28	AlsT	E	Na ⁺ /alanine symporter	Na ⁺ /アラニン シンポーター
68	57599	58276	2031779	2031102	2151	f-3	57722	58157	36	-	R	Predicted helicases	推定ヘリカーゼ
69	58855	59703	2030523	2029675	18	f-1	58867	59701	481	-	R	Predicted methyltransferase	推定メチルトランスフェラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 6/151

70	59704	59868	2029674	2029510	1459	f-1	59725	59851	27	FabG	QR	Dehydrogenases with different specificities (related to short-chain alcohol dehydrogenases) COG1028 FabG	異なる特性のある短鎖アルコールデヒドロゲナーゼに関連する)デヒドロゲナーゼ COG1028 FabG
71	59898	61799	2029480	2027579	1828	f-2	59910	61719	390	-	C	Aldehyde:ferredoxin oxidoreductase COG1028 FabG	アルデヒド:フェレドキシンオキシドレダクターゼ
72	62830	63723	2026548	2025655	19	f-1	62941	63376	40	XerC	L	Integrase	インテグラーゼ
73	64226	65992	2025152	2023386	360	f-2	64697	64985	35	XynB	G	Beta-xylosidase	β -キシロシダーゼ
74	66045	67382	2023333	2021996	734	f-3	66330	66741	34	Flid	N	Flagellar capping protein	鞭毛 キャッピングタンパク質
75	67399	68973	2021979	2020405	20	f-1	68080	68833	173	AprE	O	Subtilisin-like serine proteases	スブチリシン様セリン プロテアーゼ
76	69117	69374	2020261	2020004	735	f-3	69240	69327	32	-	R	Predicted membrane protein	推定膜タンパク質
77	69583	69795	2019795	2019583	21	f-1	-	-	-	-	-	-	-
78	69792	70511	2019586	2018867	736	f-3	69903	70296	36	FtsW	D	Bacterial cell division membrane protein	細菌細胞分裂 膜タンパク質
79	70504	71112	2018874	2018266	22	f-1	70885	70972	32	-	Q	Phytoene dehydrogenase and related proteins	フィトエンデヒドロゲナーゼ および 関連タンパク質
80	71117	71245	2018261	2018133	361	f-2	71123	71237	29	GcvP	E	Glycine cleavage system protein P (pyridoxal-binding)	グリシン切断系タンパク質 P (ピリドキサル結合)
81	71679	72593	2017699	2016785	737	f-3	71922	72174	38	IleS	J	Isoleucyl-tRNA synthetase	イソロイシル-tRNA シンセターゼ
82	72764	73339	2016614	2016039	362	f-2	73049	73235	34	-	K	Predicted transcriptional regulator	推定転写レギュレーター
83	73336	74643	2016042	2014735	23	f-1	74005	74110	35	GloB	R	Zn-dependent hydrolases	Zn依存性ヒドロラーゼ
84	74603	75760	2014775	2013618	363	f-2	-	-	-	-	-	-	-

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 7/151

85	75753	76025	2013625	2013353	738 f-3	75786	75972	28	FabG	QR	Dehydrogenases with different specificities (related to short-chain alcohol dehydrogenases) COG1028 FabG	異なる特性のある(短鎖アルコールデヒドロゲナーゼに関連する) デヒドロゲナーゼCOG1028 FabG
86	76022	77458	2013356	2011920	364 f-2	76211	76475	34	-	S	Uncharacterized BCR	未同定BCR
87	77735	79045	2011643	2010333	365 f-2	77804	78005	34	UshA	F	5'-nucleotidase/2'	5'-ヌクレオチダーゼ/2'
88	79622	79726	2009756	2009652	2150 f-3							
89	79968	80129	2009410	2009249	739 f-3	79968	80058	31	AbrB	K	Regulators of stationary/sporulation gene expression	定常期/胞子形成 遺伝子発現レギュレーター
90	80246	80428	2009132	2008950	366 f-2	80318	80402	29	CalC	IQ	Acyl-CoA synthetases (AMP-forming)/AMP-acid ligases II COG0318 CalC	アシル-CoA シンセターゼ (AMP形成)/AMP-酸リガーゼ II COG0318 CalC
91	80432	83176	2008946	2006202	367 f-2	81101	83075	233	MCM2	L	Predicted ATPase involved in replication control	複製制御に関与する推定ATPアーゼ
92	83431	83628	2005947	2005760	24 f-1	83440	83602	33	GlpC	C	Fe-S oxidoreductases	Fe-S オキシドレダクターゼ
93	83908	84267	2005470	2005111	25 f-1	83947	84109	28	-	E	Serine proteases of the peptidase family S9A	ペプチダーゼファミリー S9Aのセリン プロテアーゼ
94	84264	84440	2005114	2004938	740 f-3	84303	84420	26	DnaJ	O	Molecular chaperones (contain C-terminal Zn finger domain)	分子シャペロン (C末端Zn フィンガードメインを含む)
95	84461	85018	2004917	2004360	368 f-2	84530	84731	29				
96	84999	85340	2004379	2004038	741 f-3	85002	85176	28	-	R	Na ⁺ -dependent transporters of the SNF family	SNF ファミリーのNa ⁺ 依存性トランスポーター
97	85421	85948	2003957	2003430	369 f-2	85448	85847	100	XerC	L	Integrase	インテグラーゼ
98	86333	87139	2003045	2002239	2149 f-3	86345	87128	428	DPH5	J	Diphthamide biosynthesis methyltransferase DPH5	ジフタミド生合成 メチルトランスフェラーゼ DPH5

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 8/151

99	87211	87663	2002167	2001715	26	f-1	87226	87619	221	TroR	K	Mn-dependent transcriptional regulator	Mn依存性転写レギュレーター
100	87663	88265	2001715	2001113	742	f-3	87912	88224	39	NotM	Q	Na+-driven multidrug efflux pump	Na+駆動多剤エフラックスポンプ
101	88266	89279	2001112	2000099	743	f-3	88395	88851	32	PolC	L	DNA polymerase III alpha subunit	DNA ポリメラーゼIII α サブユニット
102	89307	90059	2000071	1999319	744	f-3	89319	90003	286	-	R	Predicted hydrolases of the HAD superfamily	HAD スーパーファミリーの推定ヒドロラーゼ
103	90079	90267	1999299	1999111	27	f-1	90088	90265	131	-	J	Predicted Zn-ribbon RNA-binding protein with a function in translation	翻訳において機能を有する推定Zn-リボソームRNA結合タンパク質
104	90276	90560	1999102	1998818	745	f-3	90285	90558	167	EFB1	J	Translation elongation factor EF-1beta	翻訳 延長因子EF-1 β
105	90583	91056	1998795	1998322	1458	f-1	90811	90976	32	WecD	KR	Histone acetyltransferase HPA2 and related acetyltransferases	ヒストンアセチルトランスフェラーゼ HPA2 および 関連アセチルトランスフェラーゼ
106	91178	91366	1998200	1998012	370	f-2	91268	91355	28	AroC	E	Chorismate synthase	COG0454 WecD コリスミ酸シンターゼ
107	91363	92979	1998015	1996399	28	f-1	91363	92974	892	PutP	EH R	Na+/proline	Na+/プロリン
108	93072	94550	1996306	1994828	746	f-3	93072	94539	717	HcaD	R	Uncharacterized NAD(FAD)-dependent dehydrogenases	未同定NAD(FAD)依存性デヒドロゲナーゼ
109	94552	95712	1994826	1993666	29	f-1	94567	95710	635	DadA	E	Glycine/D-amino acid oxidases (deaminating)	グリシン/D-アミノ酸オキシダーゼ(脱アミノ化)
110	96185	97636	1993193	1991742	371	f-2	96185	97601	702	HcaD	R	Uncharacterized NAD(FAD)-dependent dehydrogenases	未同定NAD(FAD)依存性デヒドロゲナーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 9/151

111	97620	98147	1991758	1991231	747	f-3	97629	98127	287	HycB	C	Fe-S-cluster-containing hydrogenase components 2	Fe-S-クラスター含有 ヒドロゲナーゼ 成分 2
112	98417	99583	1990961	1989795	372	f-2	98474	99581	464	DadA	E	Glycine/D-amino acid oxidases (deaminating)	グリシン/D-アミノ酸オキシダーゼ(脱アミノ化)
113	99648	100892	1989730	1988486	748	f-3	99654	100881	398			Uncharacterized ACR	未同定ACR
114	100915	101205	1988463	1988173	1457	f-1	100975	101098	30	-	S	Histone acetyltransferase	ヒストンアセチルトランスフェラーゼ
115	101224	101733	1988154	1987645	1456	f-1	101239	101695	212	WecD	KR	HPA2 and related acetyltransferases	HPA2 および 関連アセチルトランスフェラーゼ
116	101796	102347	1987582	1987031	749	f-3	101805	102315	206	-	K	Predicted transcription factor	推定転写因子
117	102393	102563	1986985	1986815	750	f-3						Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
118	102986	103432	1986392	1985946	2148	f-3	103016	103364	182	-	S	Periplasmic serine proteases	ペリプラスムセリン プロテアーゼ
119	103476	104318	1985902	1985060	751	f-3	103539	104313	429	SppA	NO	(ClpP class) COG0616 SppA	ゼ (ClpP クラス) COG0616 SppA
120	104398	106101	1984980	1983277	30	f-1	104398	106099	723	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
121	106210	106779	1983168	1982599	31	f-1	106210	106759	316	SPT15	K	Transcription initiation factor TFIIID (TATA-binding protein)	転写開始因子TFIID (TATA結合タンパク質)
122	106834	107454	1982544	1981924	32	f-1	106894	107104	30	RAD55	T	RecA-superfamily ATPases implicated in signal transduction	シグナル伝達に関与する RecA-スーパーファミリー ATPアーゼ
123	107637	108455	1981741	1980923	752	f-3	107640	108435	354	AcuC	TQ	Deacetylases	デアセチラーゼ
124	108482	109099	1980896	1980279	2147	f-3	108491	109097	374	PorG	C	Pyruvate:ferredoxin oxidoreductase and related 2-oxoacid:ferredoxin oxidoreductases	ピルビン酸:フェレドキシンオキシドレダクターゼおよび 関連2-オキソ酸:フェレドキシンオキシドレダクターゼ(インドールピルベ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 10/151

125	109092	111035	1980286	1978343	1827	r-2	109092	110087	452	PorA	C	Pyruvate:ferredoxin oxidoreductase and related 2-oxoacid:ferredoxin oxidoreductases (Indole-pyruvate ferredoxin oxidoreductase)	インドフェレドキシンオキシドレダクターゼ
126	111643	113019	1977735	1976359	1455	r-1	111652	113017	732	-	C	Acyl-CoA synthetase (NDP forming)	アシル-CoA シンセターゼ (NDP 形成)
127	113205	114563	1976173	1974815	753	f-3	113205	114555	724	-	R	Predicted ATPase of the AAA superfamily	AAA スーパーファミリーの推定 ATPアーゼ
128	114668	115351	1974710	1974027	373	f-2	114677	115346	390	-	R	Predicted Zn-dependent hydrolases of the beta-lactamase fold	β -ラクタマーゼフォールドの推定 Zn依存性ヒドロラーゼ
129	115397	116401	1973981	1972977	374	f-2	115490	116378	284	LytB	M	Putative cell wall-binding domain	推定 細胞壁結合 ドメイン
130	116482	116634	1972896	1972744	1454	r-1	116524	116596	27	-	R	Predicted nucleic-acid-binding protein containing a Zn-ribbon	Zn-リボンを含む推定核酸結合タンパク質
131	116676	117494	1972702	1971884	1826	r-2	116700	117054	34	RecN	L	ATPases involved in DNA repair	DNA修復に関与するATPアーゼ
132	117475	118242	1971903	1971136	1453	r-1	117556	117835	34	-	S	Predicted membrane protein	推定膜タンパク質
133	118178	118711	1971200	1970667	2146	r-3	118235	118379	30	PitA	P	Phosphate/sulphate permeases	リン酸/硫酸塩パーミアアーゼ
134	119061	119939	1970317	1969439	1825	r-2	119100	119931	416	SpeE	E	Spermidine synthase	スベルミジンシンターゼ
135	119973	120485	1969405	1968893	754	f-3	120156	120420	35	-	R	Hydrolases of the alpha/beta	α/β スーパーファミリーのヒド

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 11/151

thermococcus kodakaraensis KOD1																			ローゼ
superfamily																			
136	120479	120952	1968899	1968426	2145	r-3		120479	120947	269	-	S						Uncharacterized ACR	未同定ACR
137	121121	121192	1968257	1968186	2144	r-3													
138	121404	121856	1967974	1967522	755	f-3		121443	121854	245	GcvH	E						Glycine cleavage system H protein (lipoate-binding)	グリシン切断系H タンパク質 (リポ酸結合)
139	122007	122438	1967371	1966940	756	f-3		122007	122256	90	PspC	KT						Putative stress-responsive transcriptional regulator COG1983 PspC	推定 ストレス応答性転写レギュレーター-COG1983 PspC
140	122431	122667	1966947	1966711	33	f-1													
141	122668	123594	1966710	1965784	34	f-1		122680	123508	313	CitG	H						Triphosphoribosyl-dephospho-CoA synthetase	トリホスホリボシル-デホスホ-CoA シンセターゼ
142	123578	123868	1965800	1965510	2143	r-3		123599	123710	29	-	L						Archaea-specific RecJ-like exonuclease	古細菌特異的RecJ様エキソヌクレアーゼ
143	123932	126157	1965446	1963221	2142	r-3		123932	126146	1300	-	L						Archaea-specific RecJ-like exonuclease	古細菌特異的RecJ様エキソヌクレアーゼ
144	126306	128561	1963072	1960817	757	f-3		126333	128553	448	Tar	N						Methyl-accepting chemotaxis protein	メチル受容化学走性 タンパク質
145	128631	130013	1960747	1959365	1824	r-2		128640	130011	628	-	R						Permeases	パーミアターゼ
146	130150	131154	1959228	1958224	1452	r-1		130150	131110	392	MalK	G						ABC-type sugar/spermidine/putrescine/iron/thiamine transport systems	ABC型糖/スベルミジン/プトレシン/鉄/チアミン 輸送系
147	131148	133049	1958230	1956329	1823	r-2		131409	133029	584	ThiP	H						ABC-type thiamine transport system	ABC型チアミン 輸送系
148	132745	133890	1956633	1955488	35	f-1		132856	133831	394	DmpA	EQ						L-aminopeptidase/D-esterase COG3191 DmpA	L-アミノペプチダーゼ/D-エステラーゼ COG3191 DmpA
149	133885	134547	1955493	1954831	1451	r-1		133900	134527	182	CcmA	Q						ABC-type multidrug transport system	ABC型多剤輸送系

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 12/151

	134544	134834	1954834	1954544	1822	r-2	134589	134763	30	FhaB	M	Putative hemagglutinin/hemolysin	推定 赤血球凝集素/溶血素
150													
151	134978	135754	1954400	1953624	2141	r-3	135020	135215	33	-	R	Permeases of the major facilitator superfamily	メジャーファシリテータースーパーファミリーのパーミアゼ
152	137477	138172	1951901	1951206	2140	r-3	137828	138005	32	-	S	Uncharacterized BCR	未同定BCR
153	138521	138676	1950857	1950702	2139	r-3	138590	138671	28	Map	J	Methionine aminopeptidase	メチオニン アミノペプチダーゼ
154	139365	140972	1950013	1948406	758	f-3	139365	140970	914	-	C	Fe-S oxidoreductases family 2	Fe-S オキシドレダクターゼファミリー 2
155	141078	141311	1948300	1948067	759	f-3	141087	141294	46	Lrp	K	Transcriptional regulators	転写レギュレーター
156	141335	141856	1948043	1947522	375	f-2	141335	141797	147	-	K	Predicted transcriptional regulators	推定転写レギュレーター
157	141853	142707	1947525	1946671	1450	r-1	141862	142702	474	Nfo	L	Endonuclease IV	エンドヌクレアーゼ IV
158	142732	143793	1946646	1945585	1449	r-1	142903	143602	40	SbcC	L	ATPase involved in DNA repair	DNA修復に関与するATPアーゼ
159	143756	144931	1945622	1944447	2138	r-3	143765	144896	451	-	S	Predicted membrane protein	推定膜タンパク質
160	144924	145235	1944454	1944143	1821	r-2	144936	145224	134	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
161	145334	145951	1940444	1943427	376	f-2	145334	145949	383	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
162	146007	146803	1943371	1942775	1820	r-2	146016	146553	261	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
163	147207	148273	1942171	1940105	1819	r-2	147309	149253	934	-	L	Superfamily I DNA and RNA helicases and helicase subunits	スーパーファミリー I DNA および RNA ヘリカーゼ およびヘリカーゼ サブユニット
164	149293	149697	1940085	1939681	1448	r-1	149293	149695	230	-	R	Predicted nucleic-acid-binding protein containing a Zn-ribbon	Zn-リボンを含む推定核酸結合タンパク質
165	149599	150874	1939679	1938504	2137	r-3	149708	150872	612	PaaJ	I	Acetyl-CoA acetyltransferases	アセチル-CoA アセチルトランスフェラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 13/151

166	150876	151928	1938502	1937450	1818	150876	151926	582	PksG	I	3-hydroxy-3-methylglutaryl CoA synthase	3-ヒドロキシ-3-メチルグルタルル CoA シンターゼ
167	152076	152471	1937302	1936907	760	152076	152433	157	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
168	152417	152743	1936961	1936635	377	152417	152738	164	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
169	152801	153490	1936577	1935888	2136	152810	153485	416	NOPI	J	Fibrillar-like rRNA methylase	ファイブリリン様rRNA メチラーゼ
170	153487	154752	1935891	1934626	1447	153487	154609	553	SIK1	J	Protein implicated in ribosomal biogenesis	リボソーム 生合成に関与するタンパク質
171	154844	155881	1934534	1933497	2135	154919	155879	578	GCD2	J	Translation initiation factor eIF-2B delta subunit	翻訳 開始因子eIF-2B δ サブユニット
172	156044	157309	1933334	1932069	378	156056	157282	602	ARO8	KE	Transcriptional regulators containing a DNA-binding HTH domain and an aminotransferase domain (MocR family) and their eukaryotic orthologs COG1167 ARO8	DNA結合 HTH ドメイン および アミノトランスフェラーゼ ドメイン (MocR ファミリー) を含む転写レギュレーター ならびにその真核生物オルソログCOG1167 ARO8
173	157368	158228	1932010	1931150	761	157452	157953	129	-	R	Predicted glutamine amidotransferases	推定グルタミン アミドトランスフェラーゼ
174	158158	159018	1931220	1930360	1446	158179	159016	422	SpB	L	DNA repair photolyase	DNA修復 ホトリアーゼ
175	158982	159464	1930396	1929914	762	159054	159462	216	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
176	159517	160083	1929861	1929295	1445	159517	160081	350	GuaA	F	GMP synthase - Glutamine amidotransferase domain	GMP シンターゼ - グルタミン アミドトランスフェラーゼ ドメイン
177	160206	160256	1929172	1929122	763	160619	160733	27	-	C	Acyl-CoA synthetase (NDP forming)	アシル-CoA シンセターゼ (NDP 形成)
178	160526	160744	1928852	1928634	2134	160799	161717	567	GuaA	F	GMP synthase - PP-ATPase domain	GMP シンターゼ - PP-ATPase ドメイン
179	160787	161719	1928591	1927659	2133	160799	161717	567	GuaA	F	GMP synthase - PP-ATPase domain	GMP シンターゼ - PP-ATPase ドメイン

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 14/151

180	161795	163255	1927583	1926123	2132	r-3	162410	163253	495	GuaB	F	IMP dehydrogenase/GMP reductase	IMP デヒドロゲナーゼ/GMPレダクターゼ
181	163362	164405	1926016	1924973	764	f-3	163503	163761	32	-	R	ATP-utilizing enzymes of ATP-grasp superfamily (probably carbolligases)	ATP-grasp スーパーファミリーのATP利用酵素 (おそらくカルボリガーゼ)
182	164398	165393	1924980	1923985	1444	r-1	164398	165388	544	-	F	Phosphoribosylformylglycinamide (FGAM) synthase	ホスホリボシルホルムイルグリシンアミジン (FGAM) シンターゼ
183	165390	167531	1923988	1921847	1817	r-2	165390	167505	1051	PurL	G	Phosphoenolpyruvate synthase/pyruvate phosphate dikinase	ホスホエノールピルビン酸 シンターゼ/ピルビン酸 リン酸 dikinase
184	168881	170377	1920497	1919001	2131	r-3	169019	169826	162	PpsA	F	Phosphoribosylformylglycinamide (FGAM) synthase	ホスホリボシルホルムイルグリシンアミジン (FGAM) シンターゼ
185	170457	171128	1918921	1918250	1816	r-2	170457	171126	385	PurL	F	Phosphoribosylformylglycinamide (FGAM) synthase	ホスホリボシルホルムイルグリシンアミジン (FGAM) シンターゼ
186	171130	171381	1918248	1917997	1443	r-1	171139	171376	110	PurS	F	Phosphoribosylformylglycinamide (FGAM) synthase	ホスホリボシルホルムイルグリシンアミジン (FGAM) シンターゼ
187	171383	172534	1917995	1916844	2130	r-3	171392	172532	673	-	R	ATP-utilizing enzymes of ATP-grasp superfamily (probably carbolligases)	ATP利用 酵素 of ATP-grasp スーパーファミリー (おそらくカルボリガーゼ)
188	172527	173834	1916851	1915544	1815	r-2	172539	173829	602	PurD	F	Phosphoribosylamine-glycine ligase	ホスホリボシルアミン-グリシンリガーゼ
189	173896	173985	1915482	1915393	1442	r-1	-	-	-	-	L	DNA polymerase elongation subunit (family B)	DNA ポリメラーゼ延長サブユニット (ファミリー B)
190	174404	174601	1914974	1914777	379	f-2	174434	174599	29	PolB	T	RecA-superfamily ATPases implicated in signal transduction	シグナル伝達に関与する RecA-スーパーファミリー ATPアーゼ
191	174585	175349	1914793	1914029	765	f-3	174597	174876	34	RAD55	T	RecA-superfamily ATPases implicated in signal transduction	シグナル伝達に関与する RecA-スーパーファミリー ATPアーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 15/151

192	175740	177038	1913638	1912340	1814	r-2	175749	177036	781	PurT	F	Formate-dependent phosphoribosylglycinamide formyltransferase (GAR transformylase)	塩酸塩依存性ホスホリボシル グリシンアミド ホルムイルトラン スフェラーゼ (GAR トランスホ ルムイラーゼ)
193	177138	178151	1912240	1911227	766	f-3	177147	178146	545	PurM	F	Phosphoribosylaminoimidazo l (AIR) synthetase	ホスホリボシルアミノイミダゾー ル(AIR) シンセターゼ
194	178184	178348	1911194	1911030	380	f-2	178217	178331	28	PyrF	F	Orotidine-5'-phosphate decarboxylase	オロチジン-5'-リン酸デカルボ キシラーゼ
195	178320	179039	1911058	1910339	1813	r-2	178332	179028	341	PurC	F	Phosphoribosylaminoimidazo lesuccinocarboxamide (SAICAR) synthase	ホスホリボシルアミノイミダゾー ルスクシナルカルボキサミド (SAICAR) シンターゼ
196	179195	180553	1910183	1908825	381	f-2	179195	180551	661	PurF	F	Glutamine phosphoribosylpyrophosphat e amidotransferase	グルタミン ホスホリボシルピロ リン酸 アミドトランスフェラーゼ
197	180543	181031	1908835	1908347	1812	r-2	180543	181002	102	-	R	Predicted nucleic acid-binding protein	推定核酸結合タンパク質
198	181028	181288	1908350	1908090	2129	r-3	181028	181277	73	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
199	181345	183324	1908033	1906054	1441	r-1	181345	183322	984	BisC	C	Anaerobic dehydrogenases	嫌気性デヒドロゲナーゼ
200	183436	184935	1905942	1904443	1440	r-1	184129	184273	33	MalG	G	Sugar permeases	糖パーミアーズ
201	185362	185955	1904016	1903423	1439	r-1	185365	185953	330	PDX2	H	Predicted glutamine amidotransferase involved in pyridoxine biosynthesis	ピリドキシン合成に関与す る推定グルタミン アミドトランス フェラーゼ
202	185988	187004	1903390	1902374	1811	r-2	185997	186965	536	SNZ1	H	Pyridoxine biosynthesis enzyme	ピリドキシン合成 酵素
203	187111	187953	1902267	1901425	1438	r-1	187120	187939	410	NadC	H	Nicotinate-nucleotide pyrophosphorylase	ニコチン酸塩-ヌクレオチドピロ ホスホリラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 16/151

204	188074	189315	1901304	1900063	36 f-1	188083	189256	188	GCD1	MJ	Nucleoside-diphosphate-sugar pyrophosphorylases involved in lipopolysaccharide biosynthesis/translation initiation factor eIF2B subunits COG1208 GCD1	リボポリサッカライド合成/翻訳に関与するヌクレオシド-ジホスフェート糖ピロホスホリラーゼ開始因子 eIF2B サブユニット COG1208 GCD1
205	189865	190278	1899513	1899100	37 f-1	189865	190276	167	-	S	Uncharacterized ACR	未同定 ACR
206	190253	190621	1899125	1898757	382 f-2	190253	190583	154	-	R	Predicted nucleotidyltransferases	推定ヌクレオチジルトランスフェラーゼ
207	190630	191799	1898748	1897579	1437 f-1	190630	191785	715				
208	191874	192509	1897504	1898889	767 f-3	191889	192489	256	SmtA	QR	SAM-dependent methyltransferases COG0500 SmtA	SAM依存性メチルトランスフェラーゼ COG0500 SmtA
209	192535	192981	1896843	1896397	38 f-1	192553	192763	29	PIO	N	Fimbrial assembly protein	フィンブリエセンブリタンパク質
210	192971	193486	1896407	1895892	383 f-2	193004	193349	42	SbcC	L	ATPase involved in DNA repair	DNA修復に関与するATPアーゼ
211	193701	194033	1895677	1895345	1810 f-2	193740	194025	117	WecD	KR	Histone acetyltransferase HPA2 and related acetyltransferases COG0454 WecD	ヒストンアセチルトランスフェラーゼ HPA2 および関連アセチルトランスフェラーゼ COG0454 WecD
212	194152	194358	1895226	1895020	1436 f-1	194242	194350	28	RimL	J	Acetyltransferases	アセチルトランスフェラーゼ
213	195097	195405	1894281	1893973	39 f-1	195097	195313	46	CcmA	Q	ABC-type multidrug transport system	ABC型多剤輸送系
214	195742	195846	1893636	1893532	1435 f-1							
215	195995	196111	1893383	1893267	384 f-2							

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 17/151

216	196138	196939	1893240	1892419	1434	r-1	196138	196951	291	WecD	KR	Histone acetyltransferase HPA2 and related acetyltransferases COG0454 WecD	ヒストンアセチルトランスフェラーゼ HPA2 および 関連アセチルトランスフェラーゼ COG0454 WecD
217	197032	197625	1892346	1891753	1433	r-1	197044	197563	125	RimL	J	Acetyltransferases	アセチルトランスフェラーゼ
218	197747	198367	1891631	1891011	385	f-2	197837	198185	65	SmtA	QR	SAM-dependent methyltransferases COG0500 SmtA	SAM依存性メチルトランスフェラーゼ COG0500 SmtA
219	198495	199754	1890883	1889624	1809	r-2	199549	198996	75				
220	199748	200686	1889630	1888692	2128	r-3	199901	200363	33	RfaG	M	Predicted glycosyltransferases	推定グリコシルトランスフェラーゼ
221	200742	201098	1888636	1888280	768	f-3	200931	201003	27	BtuC	PH	ABC-type cobalamins/Fe3+-siderophores transport systems	ABC型コバラミン/Fe3+-シジデロフォア 輸送系
222	201067	201738	1888311	1887640	40	f-1	201067	201727	360	-	R	Predicted amidohydrolase	推定アミドヒドロラーゼ
223	201692	202102	1887686	1887276	386	f-2	201773	202100	181	ARC1	R	EMAP domain	EMAP ドメイン
224	202103	202924	1887275	1886454	387	f-2	202313	202922	229	SpeB	E	Arginase/agnatrinase/formimidionoglutamate hydrolase	アルギナーゼ/アグマチナーゼ/ホルムイミノグルタミン酸 ヒドロラーゼ
225	202929	203372	1886449	1886006	769	f-3	202944	203361	187	CDC14	T	Predicted protein-tyrosine phosphatase	推定タンパク質-チロシン ホスファターゼ
226	203585	204475	1885793	1884903	388	f-2	203633	204170	82	HisS	J	Histidyl-tRNA synthetase	ヒスチジル-tRNA シンセターゼ
227	204472	205083	1884906	1884295	41	f-1	204484	205048	155	HisG	E	ATP phosphoribosyltransferase (histidine biosynthesis)	ATP ホスホリボシルトランスフェラーゼ (ヒスチジン合成)
228	205070	206200	1884308	1883178	389	f-2	205079	206111	276	HisD	E	Histidinol dehydrogenase	ヒスチジノールデヒドロゲナーゼ
229	206280	206813	1883098	1882565	770	f-3	206280	206766	117	HisB	E	Imidazoleglycerol-phosphate	イミダゾールグリセロールリン

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明

[illegible]

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 19/151

											chain	
242	216588	217343	1872790	1872035	774	F-3	216588	217323	370	TrpA	E	Tryptophan synthase alpha chain
243	217325	218095	1872053	1871283	2127	F-3	217328	217913	85	TyrA	E	Prephenate dehydrogenase
244	218020	219114	1871358	1870264	1432	F-1	218029	218971	191	AvaA	E	PLP-dependent aminotransferases
245	219077	219253	1870301	1870125	2126	F-3	219080	219221	35	PheA	E	Chorismate mutase
246	219407	220474	1869971	1868904	2125	F-3	219407	220457	530	AroC	E	Chorismate synthase
247	220471	221718	1868907	1867660	1431	F-1	220513	221710	470	AroA	E	5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase
248	221676	222236	1867702	1867142	1808	F-2	221742	222234	175	-	EH	Archaeal shikimate kinase COG1685 -
249	222472	222852	1866906	1866526	1430	F-1	222472	222850	161	AroE	E	Shikimate 5-dehydrogenase
250	222879	223259	1866499	1866119	1807	F-2	222879	223197	142	AroE	E	Shikimate 5-dehydrogenase
251	223282	223923	1866096	1865455	1429	F-1	223282	223894	207	AroD	E	3-dehydroquinate dehydratase
252	223877	225022	1865501	1864356	2124	F-3	223985	224876	350	AroB	E	3-dehydroquinate synthetase
253	224890	225804	1864488	1863574	1428	F-1	224965	225682	395	AroA	E	3-Deoxy-D-arabino-heptulosonate 7-phosphate (DAHP) synthase
254	225801	226844	1863577	1862534	1806	F-2	225924	226824	426	TktA	G	Transketolase
255	226718	227377	1862660	1862001	2123	F-3	226742	227369	278	TktA	G	Transketolase
256	227370	227741	1862008	1861637	1805	F-2	227463	227547	30	AroC	K	AraC-type DNA-binding domain-containing proteins
257	227931	228242	1861447	1861136	775	F-3	227985	228237	71	ProC	E	Pyrroline-5-carboxylate reductase

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 20/151

258	228257	228718	1861121	1860660	396	f-2	228257	228701	136	ProC	E	Pyroline-5-carboxylate reductase	ピロリン-5-カルボキシル酸レダクターゼ
259	228710	229147	1860668	1860231	2122	r-3	228710	229079	201	ArgE	E	Acetylornithine deacetylase/Succinyl-diaminopimelate desuccinylase and related deacetylases	アセチルオルニチンデアセチラーゼ/スクシニル-ジアミノ/ピメルン酸デスクシニラーゼ および関連デアシラーゼ
260	229347	229745	1860031	1859633	1804	r-2	229347	229716	195	ArgE	E	Acetylornithine deacetylase/Succinyl-diaminopimelate desuccinylase and related deacetylases	アセチルオルニチンデアセチラーゼ/スクシニル-ジアミノ/ピメルン酸デスクシニラーゼ および関連デアシラーゼ
261	229732	230820	1859646	1858558	1427	r-1	229732	230809	523	ArgD	E	PLP-dependent aminotransferases	PLP依存性アミノトランスフェラーゼ
262	230826	231581	1858552	1857797	1803	r-2	230826	231579	315	ArgB	E	Acetylglutamate kinase	アセチルグルタミン酸キナーゼ
263	231591	232583	1857787	1856795	1802	r-2	231591	232578	564	ArgC	E	Acetylglutamate semialdehyde dehydrogenase	アセチルグルタミン酸セミアルデヒドデヒドロゲナーゼ
264	232580	233410	1856798	1855968	2121	r-3	232589	233405	437	RimK	HJ	Glutathione synthase/Ribosomal protein S6 modification enzyme (glutamyl transferase)	グルタチオンシンターゼ/リボソーム タンパク質 S6 修飾酵素 (グルタミルトランスフェラーゼ) COG0189 RimK
265	233428	233589	1855950	1855789	1426	r-1	233431	233512	28	PqiA	S	Uncharacterized paraquat-inducible protein A	未同定/パラコート誘導性 タンパク質 A
266	233684	234727	1855694	1854651	2120	r-3	233684	234692	456	LeuB	E	Isocitrate/isopropylmalate dehydrogenase	イソクエン酸/イソプロピルリンゴ酸デヒドロゲナーゼ
267	234715	235206	1854663	1854172	1425	r-1	234715	235201	256	LeuD	E	3-isopropylmalate dehydratase small subunit	3-イソプロピルリンゴ酸デヒドラーターゼスモールサブユニット
268	235203	236345	1854175	1853033	1801	r-2	235203	236337	595	LeuC	E	3-isopropylmalate dehydratase large subunit	3-イソプロピルリンゴ酸デヒドラーターゼ ラージサブユニット

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 21/151

269	236342	237427	1853036	1851951	2119	1-3	236342	237425	536	LeuA	E	Isopropylmalate/homocitrate/citramalate synthases	インプロピルリンゴ酸/ホモクエン酸/シトラリンゴ酸 シンターゼ
270	237653	238216	1851725	1851162	2118	1-3	237653	238214	297	NfnB	C	Nitroreductase	ニトロレダクターゼ
271	238509	239528	1850869	1849850	776	f-3	239581	239505	289	-	R	Predicted ATPase of the AAA superfamily	AAA スーパーファミリーの推定 ATPアーゼ
272	239489	239686	1849889	1849692	397	f-2	239495	239672	76	-	R	Predicted ATPase of the AAA superfamily	AAA スーパーファミリーの推定 ATPアーゼ
273	239677	240426	1849701	1848952	1424	1-1	239677	240424	406	PhnP	R	Metal-dependent hydrolases of the beta-lactamase superfamily I	β -ラクタマーゼ スーパーファミリー I の金属依存性ヒドロラーゼ
274	240560	243028	1848818	1846350	398	f-2	240662	242990	424	PhD	C	Pyruvate-formate lyase	ピルビン酸-蟻酸塩 リアーゼ
275	243977	244525	1845401	1844853	399	f-2	244118	244322	35	Arp	R	Ankyrin repeat proteins	アンキリンリピートタンパク質
276	244591	245055	1844787	1844323	45	f-1	244591	245044	228	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
277	245052	245747	1844326	1843631	777	f-3	245052	245736	322	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
278	245738	246229	1843640	1843149	2117	1-3	245744	245888	33				
279	246239	246340	1843139	1843038	2116	1-3	246239	246326	26	TehA	P	Tellurite resistance protein and related permeases	亜テルル酸 耐性タンパク質および関連パーミアーズ
280	247226	248134	1842152	1841244	2115	1-3	247241	248132	503	NadA	H	Quinolinate synthase	キノリン酸 シンターゼ
281	248197	249606	1841181	1839772	1423	1-1	248275	249586	598	NadB	H	Aspartate oxidase	アスパラギン酸 オキシダーゼ
282	251161	251265	1838217	1838113	46	f-1							
283	251394	251477	1837984	1837901	778	f-3							
284	251557	251760	1837821	1837618	47	f-1	251602	251731	32	GpmA	G	Phosphoglycerate mutase 1	ホスホグリセリン酸 ムターゼ 1
285	254653	255162	1834725	1834216	1422	1-1	254653	255151	248	KptA	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
286	255227	256987	1834151	1832391	2114	1-3	256304	256919	57	EisH	R	Metal-dependent hydrolase	金属依存性ヒドロラーゼ
287	257124	258452	1832254	1830926	1800	1-2	257133	258450	728	HcaD	R	Uncharacterized NAD(FAD)-dependent dehydrogenases	未同定NAD(FAD)依存性デヒドロゲナーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 22/151

	258556	259233	1830822	1830145	1421	r-1	258556	259231	310	PyrH	F	Uridylate kinase	ウリジル酸 キナーゼ
288	258556	259233	1830822	1830145	1421	r-1	258556	259231	310	PyrH	F	Uridylate kinase	ウリジル酸 キナーゼ
289	260703	261923	1828675	1827455	779	f-3	260703	261798	430	SrmB	LK	Superfamily II DNA and RNA helicases COG0513 SrmB	スーパーファミリー II DNA および RNA ヘリカーゼ COG0513 SrmB
290	262176	262484	1827202	1826894	1799	r-2	262176	262482	183	RpsJ	J	Ribosomal protein S10	リボソームタンパク質 S10
291	262544	263830	1826834	1825548	2113	r-3	262544	263828	762	TufB	JE	GTPases - translation elongation factors COG0050 TufB	GTPアーゼ - 翻訳 延長因子 COG0050 TufB
292	264065	265165	1825313	1824213	2112	r-3	264065	265157	634	FusA	J	Translation elongation and release factors (GTPases)	翻訳 延長および 遊離因子 (GTPアーゼ)
293	264895	266262	1824483	1823116	1420	r-1	264895	265954	642	FusA	J	Translation elongation and release factors (GTPases)	翻訳 延長および 遊離因子 (GTPアーゼ)
294	266696	266977	1822682	1822401	2111	r-3							
295	267002	268075	1822376	1821303	2110	r-3	267005	267865	260	-	R	HD superfamily phosphohydrolases	HD スーパーファミリー ホスホヒドrolラーゼ
296	268109	269197	1821269	1820181	2109	r-3	268109	269156	619	ArgE	E	Acetylornithine deacetylase/Succinyl-diaminopimelate desuccinylase and related deacetylases	アセチルオルニチンデアセチラーゼ/スクシンニルジアミジメリン酸デスクシニラーゼ および関連デアシラーゼ
297	269297	270064	1820081	1819314	400	f-2	269378	270059	270	GloB	R	Zn-dependent hydrolases	Zn依存性ヒドrolラーゼ
298	270052	270306	1819326	1819072	48	f-1	270051	270304	147	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
299	270301	271278	1819077	1818100	1419	r-1	270331	270853	117	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
300	271381	272119	1818017	1817259	401	f-2	271361	272117	317	TaID	L	Mg-dependent DNase	Mg依存性DNアーゼ
301	272121	272429	1817257	1816949	780	f-3	272208	272421	58	SmtA	QR	SAM-dependent methyltransferases COG0500 SmtA	SAM依存性メチルトランスフェラーゼCOG0500 SmtA
302	272525	274057	1816853	1815321	2108	r-3	272534	274055	679	FolP	H	Dihydropterolate synthase	ジヒドロプテリン酸 シンターゼ
303	274244	274963	1815134	1814415	402	f-2	274244	274955	417	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 23/151

304	275340	275564	1814038	1813814	781	f-3	275463	275538	27	-	R	Predicted nucleic acid-binding protein	推定核酸結合 タンパク質
305	276688	277758	1812690	1811620	49	f-1	277030	277165	33	-	C	Aldehyde:ferredoxin oxidoreductase	アルデヒド:フェレドキシノキシドレダクターゼ
306	277759	278526	1811619	1810852	50	f-1	278314	278485	28	Thp	H	ABC-type thiamine transport system	ABC型チアミン 輸送系
307	278454	278981	1810924	1810397	782	f-3	278700	278793	29	-	K	RNA-binding proteins (RRM domain)	RNA結合 タンパク質 (RRM ドメイン)
308	278969	279736	1810409	1809642	403	f-2	279002	279638	156	QcmA	Q	ABC-type multidrug transport system	ABC型多剤輸送系
309	279859	280521	1809519	1808857	1418	f-1	279883	280513	255	HIS2	ER	Histidinol phosphatase and related hydrolases of the PHP family COG1387 HIS2	PHP ファミリーのヒスチジノールホスファターゼ および 関連ヒドロラーゼ COG1387 HIS2
310	280629	281072	1808749	1808306	783	f-3	280638	281070	251	Sbm	I	Methylmalonyl-CoA mutase	メチルマロニル-CoA ムターゼ
311	281104	282072	1808274	1807306	51	f-1	281113	282061	494	ArgK	E	Putative periplasmic protein kinase ArgK and related GTPases of G3E family	G3E ファミリーの推定 ペリプラズムタンパク質 キナーゼ ArgK および 関連GTPアーゼ
312	282069	282467	1807309	1806911	784	f-3	282069	282462	233	GloA	E	Lactoylglutathione lyase and related lyases	ラクトイルグルタチオンリアーゼ および 関連リアーゼ
313	282544	283272	1806834	1806106	1417	f-1	282544	283186	182	WecD	KR	Histone acetyltransferase HPA2 and related acetyltransferases COG0454 WecD	ヒストンアセチルトランスフェラーゼ HPA2 および 関連アセチルトランスフェラーゼ COG0454 WecD
314	283421	284416	1805957	1804962	2107	f-3	283421	284405	414	DUR1	E	Allophanate hydrolase subunit 2	アロファン酸 ヒドロラーゼ サブユニット 2
315	284413	285099	1804965	1804279	1416	f-1	284419	285085	318	DUR1	E	Allophanate hydrolase subunit 1	アロファン酸 ヒドロラーゼ サブユニット 1
316	285104	285292	1804274	1804086	2106	f-3	285107	285257	39	VapC	R	Predicted nucleic acid-binding protein	推定核酸結合 タンパク質

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 24/151

317	285716	286492	1803662	1802886	2105	r-3	285725	286487	455	-	R	Uncharacterized proteins	未同定タンパク質
318	286543	287079	1802835	1802299	52	f-1	286570	287005	214	-	R	Predicted nucleic acid-binding protein	推定核酸結合 タンパク質
319	287046	287645	1802332	1801733	1798	r-2	287112	287643	244	-	F	Predicted nucleotide kinase (related to CMP and AMP kinases)	推定ヌクレオチド キナーゼ (CMP および AMP キナーゼに関連)
320	287758	288153	1801620	1801225	1415	r-1	287788	287881	28	RpoD	K	DNA-directed RNA polymerase sigma subunits (sigma70/sigma32)	DNA指向性RNA ポリメラーゼ σ サブユニット ($\sigma70/\sigma32$)
321	288150	288437	1801228	1800941	1797	r-2	288159	288423	44	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
322	288505	289047	1800873	1800331	1414	r-1	288724	288904	42	-	R	Predicted nucleotidyltransferases	推定ヌクレオチルトランスフェラーゼ
323	289173	289493	1800205	1799885	1796	r-2							推定核酸結合 タンパク質
324	289490	289948	1799888	1799430	2104	r-3	289502	289874	33	-	R	Predicted nucleic acid-binding protein	
325	290136	291029	1799242	1798349	1795	r-2	290193	291024	363	AlkA	L	3-Methyladenine DNA glycosylase	3-メチルアデニン DNA グリコシラーゼ
326	290339	291157	1798439	1798221	2103	r-3	290975	291065	30	GlgB	G	1	
327	291353	292696	1798025	1796682	404	f-2	291431	292670	516	-	NO	Membrane-bound serine protease (ClpP class) COG1030 -	膜結合セリン プロテアーゼ (ClpP クラス) COG1030 -
328	292703	293509	1796675	1795869	405	f-2	292763	293507	374	HflC	O	Membrane protease subunits	膜プロテアーゼ サブユニット
329	293510	293593	1795868	1795785	2102	r-3							
330	293627	294415	1795751	1794963	406	f-2	293636	294413	406	-	D	ATPases involved in chromosome partitioning	染色体分画化に関与するATPアーゼ
331	294346	294663	1795032	1794715	53	f-1							Pre-tan-pak 質 トランスロカーゼ
332	294750	295001	1794628	1794377	785	f-3	294801	294969	28	SecA	N	Preprotein translocase subunit SecA (ATPase)	サブユニット SecA (ATPアーゼ)

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明

25/151

333	295115	296826	1794263	1792752	407	f-2	295115	296824	782	DeoA	F	Thymidine phosphorylase	チミジン ホスホリラーゼ
334	296627	297139	1792751	1792239	2101	f-3	296882	297017	30	UvrA	L	Excinuclease ATPase subunit	エキヌクレアーゼ ATPアーゼ サブユニット
335	297204	297731	1792174	1791647	1794	f-2	297270	297720	278	Moac	H	Molybdenum cofactor biosynthesis enzyme	モリブデン補因子生成 酵素
336	297773	298702	1791605	1790676	408	f-2	297785	298694	452	CcmA	Q	ABC-type multidrug transport system	ABC型多剤輸送系
337	298699	300825	1790679	1788553	54	f-1	298768	300298	273	-	S	Predicted membrane protein	推定膜タンパク質
338	300795	301748	1788583	1787630	786	f-3	300822	301671	226	NosY	R	ABC-type transport system involved in multi-copper enzyme maturation	多重銅酵素 成熟に関与する ABC型輸送系
339	301803	303251	1787575	1786127	1793	f-2	302097	303249	645	RtcB	S	Uncharacterized ACR	未同定 ACR
340	303305	303766	1786073	1785612	2100	f-3	303374	303792	140	-	S	Uncharacterized ACR	未同定 ACR
341	303750	304688	1785628	1784690	1792	f-2	303750	304662	427	Sun	J	tRNA and rRNA cytosine-C5-methylases	tRNA および rRNA シトシン -C5-メチラーゼ
342	304698	305126	1784680	1784252	1791	f-2	304698	305124	183	-	S	Uncharacterized ACR	未同定 ACR
343	305339	306193	1784039	1783185	409	f-2	305339	306185	437	PanB	H	Ketopantoate hydroxymethyltransferase	ケトペンテン酸ヒドロキシメチルトランスフェラーゼ
344	306190	306858	1783188	1782520	55	f-1	306193	306853	272	WcaA	M	Glycosyltransferases involved in cell wall biogenesis	細胞壁 生成に関与するグリコシルトランスフェラーゼ
345	307473	307700	1781905	1781678	787	f-3	307527	307656	26	BaeS	T	Sensory transduction histidine kinases	感覚器 伝達ヒスチジン キナーゼ
346	308311	308886	1781067	1780492	1413	f-1	308311	308875	240	Thil	H	Thiamine biosynthesis ATP pyrophosphatase	チアミン生成 ATPピロホスファターゼ
347	308930	309406	1780448	1779972	2099	f-3	308930	309377	139	-	S	Predicted membrane protein	推定膜タンパク質
348	309492	310637	1779886	1778741	1790	f-2	309498	310497	350	Thil	H	Thiamine biosynthesis ATP	チアミン生成 ATPピロホスフ

Thermosaccus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明													
										pyrophosphatase		アターゼ	
349	310642	311016	1778736	1778362	1412	f-1	310708	310894	31	ThiP	H	ABC-type thiamine transport system	ABC型チアミン 輸送系
350	311017	311625	1778361	1777753	1411	f-1	311035	311569	62	NfnB	C	Nitroreductase	ニトロレダクターゼ
351	312108	312536	1777270	1776842	1789	f-2	312399	312528	29	PhoJ	P	Phosphate uptake regulator	リン酸 取り込み レギュレーター
352	312637	312903	1776741	1776475	56	f-1							
353	312953	313306	1776425	1776072	410	f-2	313193	313301	32	-	R	ATPases of the P1IT family	P1IT ファミリーのATPアーゼ
354	313344	314120	1776034	1775258	788	f-3	313407	314118	356	-	Q	Maleate cis-trans isomerase	マレイン酸シス-トランスイソメラーゼ
355	314205	314447	1775173	1774931	789	f-3	314313	314436	30	AraC	K	AraC-type DNA-binding domain-containing proteins	AraC型DNA結合 ドメイン含有タンパク質
356	314429	315589	1774949	1773789	411	f-2	314453	314765	39	GloB	R	Zn-dependent hydrolases	Zn依存性ヒドロラーゼ
357	315618	316058	1773760	1773320	1788	f-2	315762	315858	32	KatE	P	Catalase	カタラーゼ
358	316245	316973	1773133	1772405	1787	f-2	316245	316971	423	SpoJ	K	Predicted transcriptional regulators	推定転写レギュレーター
359	317124	318272	1772254	1771106	790	f-3	317136	318267	480	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
360	318265	319238	1771113	1770139	1410	f-1	318388	319225	367	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
361	319807	319851	1769571	1769527	1409	f-1							
362	320239	320928	1769139	1768450	57	f-1	320308	320521	38	XerC	L	Integrase	インテグラーゼ
363	321374	321511	1768004	1767867	412	f-2							
364	321508	321696	1767870	1767682	58	f-1	321517	321649	28	-	R	Predicted nucleic acid-binding protein	推定核酸結合 タンパク質
365	322012	322365	1767366	1767013	59	f-1	322060	322228	31	CysZ	E	Uncharacterized protein involved in cysteine biosynthesis	システイン生合成に関与する未同定タンパク質
366	322265	324266	1767113	1765122	413	f-2	322082	323261	36	-	S	Predicted membrane protein	推定膜タンパク質

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 27/151

367	324261	326399	1765117	1762979	791	f-3	324882	325074	34	Arp	R	Ankyrin repeat proteins	アンキリンリピートタンパク質
368	326552	326935	1762826	1762443	414	f-2	326639	326792	31	AmB	P	Ammonia permeases	アンモニアパーミアーゼ
369	327013	327282	1762365	1762096	60	f-1	327049	327217	28	ZntA	P	Cation transport ATPases	カチオン輸送ATPアーゼ
370	327284	327514	1762094	1761864	415	f-2	327386	327488	27	DraG	O	ADP-ribosylglycohydrolase	ADP-リボシルグリコヒドロラーゼ
371	327518	328321	1761860	1761057	416	f-2	328157	328313	30	BioD	H	Dethiobiotin synthetase	デチオビオチンシンセターゼ
372	328333	328815	1761045	1760563	61	f-1	328333	328492	29	-	S	Uncharacterized BCR	未同定BCR
373	328812	329288	1760566	1760090	792	f-3	329004	329118	29	-	N	Predicted secreted acid phosphatase	推定分泌型酸ホスファターゼ
374	329290	330090	1760088	1759288	62	f-1	329380	329929	44	Smc	D	Chromosome segregation ATPases	染色体分離ATPアーゼ
375	330224	331687	1759154	1757691	417	f-2	330827	331406	42	RfaG	M	Predicted glycosyltransferases	推定グリコシルトランスフェラーゼ
376	331691	332452	1757687	1756926	418	f-2	332153	332312	32	GlmU	M	N-acetylglucosamine-1-phosphate uridylyltransferase (contains nucleotidyltransferase and I-patch acetyltransferase domains)	N-アセチルグルコサミン-1-リン酸ウリジルトランスフェラーゼ (ヌクレオチルトランスフェラーゼおよびI-patch アセチルトランスフェラーゼドメインを含む)
377	332449	332736	1756929	1756642	63	f-1							外膜レセプタータンパク質
378	334175	334945	1755203	1754433	419	f-2	334223	334319	31	ClrA	P	Outer membrane receptor proteins	
379	335068	335664	1754310	1753714	64	f-1	335158	335434	35	-	R	Uncharacterized CBS domain-containing proteins	未同定CBSドメイン含有タンパク質
380	337045	337260	1752333	1752118	65	f-1	337087	337222	28	-	GC	Glycosyl transferases	グリコシルトランスフェラーゼ
381	337711	338295	1751667	1751083	1408	f-1	338050	338284	37	-	L	MutS-like ATPases involved in mismatch repair	ミスマッチ修復に関与するMutS様ATPアーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 28/151

382	339363	339788	1750015	1749590	793	f-3	339441	339639	34	-	L	Replication factor A large subunit and related ssDNA-binding proteins	複製因子A ラージサブユニット および 関連ssDNA結合 タンパク質
383	340641	340727	1748737	1748651	794	f-3							
384	341558	341995	1747820	1747383	420	f-2	341600	341747	42	AbrB	K	Regulators of stationary/sporulation gene expression	定常期/胞子形成 遺伝子発現 のレギュレーター
385	342397	343461	1746981	1745917	66	f-1	343126	343363	36	MarR	K	Transcriptional regulators	転写レギュレーター
386	343454	343891	1745924	1745487	421	f-2	343538	343760	32	-	S	Uncharacterized BCR	未同定BCR
387	343888	344076	1745490	1745302	67	f-1	343912	343987	29	PyrG	F	CTP synthase (UTP-ammonia lyase)	CTP シンターゼ (UTP-アンモニア リアーゼ)
388	344090	344401	1745288	1744977	422	f-2							
389	345281	345472	1744097	1743906	423	f-2	345350	345484	26	NlpD	M	Membrane proteins related to metalloendopeptidases	メタロエンドペプチダーゼに関連する膜タンパク質
390	345566	345622	1743812	1743756	2098	f-3							
391	345615	345740	1743763	1743638	795	f-3							
392	346174	346356	1743204	1743022	68	f-1	346183	346297	28	NrfG	R	TPR-repeat-containing proteins	TPR-リピート含有 タンパク質
393	346528	346881	1742850	1742497	69	f-1	346651	346837	28	-	L	Replication factor A large subunit and related ssDNA-binding proteins	複製因子A ラージサブユニット および 関連ssDNA結合 タンパク質
394	346606	346668	1742772	1742710	1407	f-1							
395	347138	348463	1742240	1740915	424	f-2	347351	348461	427	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
396	348567	350417	1740811	1738961	1786	f-2	348567	350403	1032	-	E	Serine proteases of the peptidase family S9A	ペプチダーゼファミリー S9Aの セリン プロテアーゼ
397	350537	351598	1738841	1737780	425	f-2	350537	350981	162	RibD	H	Pyrimidine deaminase	ピリミジン デアミナーゼ
398	351592	352155	1737786	1737223	70	f-1	351601	352150	191	RibC	H	Riboflavin synthase alpha chain	リボフラビン シンターゼ α鎖

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 29/151

	352419	352985	1736059	1736393	796	f-3	352461	352647	30	-	R	Predicted membrane-associated	推定膜結合
399												Transcriptional regulator	転写レギュレーター
400	353923	354102	1735455	1735276	71	f-1	354010	354097	25	LysR	K	GTP cyclohydrolase II	GTP シクロヒドロラーゼ II
401	354174	355334	1735204	1734044	797	f-3	354723	355320	243	RibA	H	Riboflavin synthase	リボフラビン シンターゼ β -鎖
402	355393	355872	1733985	1733506	72	f-1	355414	355849	170	RibH	H	beta-chain	
403	355856	356452	1733522	1732926	2097	f-3	355862	356387	125	-	S	Uncharacterized ArOR	未同定ArOR
404	356449	357381	1732929	1731997	1406	f-1	356455	357211	170	-	R	ATP-utilizing enzymes of ATP-grasp superfamily (probably carbolligases)	ATP-grasp スーパーファミリー (おそらくカルボリガーゼ)の ATP利用 酵素
405	357378	358037	1732000	1731341	1785	f-2	357378	357969	140	PurC	F	Phosphoribosylaminimidazo lesuccinocarboxamide (SAICAR) synthase	ホスホリボシルアミノイミダゾ ルスクシノカルボキサミド (SAICAR) シンターゼ
406	358034	359329	1731344	1730049	2096	f-3	358043	359312	651	ThiC	H	Thiamine biosynthesis protein ThiC	チアミン生合成 タンパク質 ThiC
407	359407	360171	1729971	1729207	73	f-1	359416	360163	386	-	R	Flavoproteins	フラビンタンパク質
408	360168	361466	1729210	1727912	798	f-3	360171	360888	200	ThiD	H	Hydroxymethylpyrimidine/ph osphomethylpyrimidine kinase	ヒドロキシメチルピリミジン/ホス ホメチルピリミジン キナーゼ
409	361497	363407	1727881	1725971	799	f-3	361506	363378	1016	-	R	Uncharacterized ABC-type transporter	未同定ABC型トランスポーター
410	366699	367151	1722679	1722227	1784	f-2	366879	367050	33	-	R	Predicted metal-dependent membrane protease	推定金属依存性膜プロテアー ゼ
411	367290	368240	1722088	1721138	1783	f-2	367932	368190	35	HypF	O	Hydrogenase maturation factor	ヒドロゲナーゼ 成熟 因子
412	368237	369289	1721141	1720089	2095	f-3	368243	368948	301	SlpA	O	FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerases 2	FKBP型ペプチジル-プロリル シス-トランスイソメラーゼ 2
413	370634	371449	1718744	1717929	426	f-2	371216	371363	30	GalA	I	Acyl-CoA dehydrogenases	アシル-CoA デヒドロゲナーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 30/151

414	371481	372920	1717897	1716458	800	f-3	371490	372918	859	CysS	J	Cysteineyl-tRNA synthetase	システイニル-tRNA シンセターゼ
415	374488	374650	1714890	1714828	74	f-1							
416	374583	374840	1714795	1714538	801	f-3	374583	374832	129	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
417	374833	375534	1714545	1713844	1405	f-1	375247	375427	32	-	L	Predicted transposase	推定トランスポザーゼ
418	375535	376308	1713843	1713070	1404	f-1	375535	376294	105	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
419	376000	376092	1713378	1713286	75	f-1							
420	376298	376771	1713080	1712607	2094	f-3	376298	376769	238	-	K	Predicted transcriptional regulator	推定転写レギュレーター
421	379177	380310	1710201	1709068	1403	f-1	379756	379984	38	Tar	N	Methyl-accepting chemotaxis protein	メチル受容化学走性タンパク質
422	380366	381109	1709012	1708269	2093	f-3	380558	381047	32	SPS1	T	Serine/threonine protein kinases	セリン/スレオニンタンパク質キナーゼ
423	381111	382313	1708267	1707065	1782	f-2	381642	382305	360	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
424	382310	382675	1707068	1706703	2092	f-3	382454	382604	29	HisS	J	Histidyl-tRNA synthetase	ヒスチジル-tRNA シンセターゼ
425	382850	383839	1706528	1705539	2091	f-3	382859	383837	516	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
426	384244	384471	1705134	1704907	1402	f-1	384244	384304	42	AbrB	K	Regulators of stationary/spore germination gene expression	定常期/胞子形成遺伝子発現のレギュレーター
427	384528	385040	1704850	1704338	1781	f-2	384534	385035	239	-	L	RecB family exonuclease	RecB ファミリーエキソヌクレアーゼ
428	385030	386139	1704348	1703239	1401	f-1	385138	385843	40	-	R	Predicted ATPase of the AAA superfamily	AAA スーパーファミリーの推定ATPアーゼ
429	389056	390132	1700322	1699246	1400	f-1	389056	390127	503	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
430	390129	391328	1699249	1698050	1780	f-2	390450	390630	32	-	S	Uncharacterized proteins of WD40-like repeat family	WD40様リピートファミリーの未同定タンパク質
431	391570	392187	1697808	1697191	1399	f-1	391570	392140	247	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
432	392614	393321	1696764	1696057	1398	f-1	392674	393319	399	-	C	Acyl-CoA synthetase (NDP)	アシル-CoA シンセターゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 32/151

445	409459	409647	1679919	1679731	78	f-1	409495	409645	30	WcaG	MG	Nucleoside-diphosphate-sugar epimerases COG0451 WcaG	ヌクレオシド-ジリン酸-糖 エピメラーゼ COG0451 WcaG
446	409647	410459	1679731	1678919	804	f-3	409902	410307	33	-	Q	Polyketide synthase modules and related proteins	ポリケチドシンターゼ モジュー ルおよび関連タンパク質
447	410460	411080	1678918	1678298	805	f-3	410499	411027	205	-	R	Predicted HD superfamily hydrolase	推定HDスーパーファミリー ドローラーゼ
448	411176	411688	1678202	1677690	431	f-2	411176	411686	227	NusA	K	Transcription terminator	転写ターミネーター
449	411878	413293	1677500	1676085	432	f-2	412490	413045	36	-	K	Predicted transcriptional regulators	推定転写レギュレーター
450	413415	413915	1675963	1675463	806	f-3	413523	413754	39	GyrA	L	DNA gyrase (topoisomerase II) A subunit	DNA ギラーゼ (トポイソメラー ゼ II) A サブユニット
451	413926	414252	1675452	1675126	79	f-1	413938	414175	30	SurA	O	Parvulin-like peptidyl-prolyl isomerase	パルブリン様ペプチジル-プロリ ル イソメラーゼ
452	414877	415209	1674501	1674169	80	f-1	414877	415123	31	ArgS	J	Arginyl-tRNA synthetase	アルギニル-tRNA シンセター ゼ
453	417109	417270	1672269	1672108	81	f-1	417115	417259	27	PutA	E	Proline dehydrogenase	プロリン デヒドロゲナーゼ
454	417291	417929	1672087	1671449	807	f-3	417330	417462	30	MetC	E	Cystathionine beta-lyases/cystathionine gamma-synthases	シスタチオニン β-リアーゼ/シ スタチオニン γ-シンターゼ
455	418636	419175	1670742	1670203	82	f-1	418663	419017	33	-	S	Uncharacterized proteins of WD40-like repeat family	WD40様リピート ファミリーの未 同定タンパク質
456	419247	420563	1670131	1668815	808	f-3	419247	420561	771	AsnS	J	Aspartyl/asparaginyl-tRNA synthetases (Aspartyl-tRNA synthetase)	アスパルチル/アスパラギニル -tRNA シンセターゼ (アスパル チル-tRNA シンセターゼ)
457	420627	422132	1668751	1667246	809	f-3	421635	421917	33	-	R	Uncharacterized membrane protein	未同定膜タンパク質

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 34/151

476	440578	441444	1648800	1647934	87	F-1	440578	441442	390	-	S	Uncharacterized ACR	未同定 ACR
477	441511	441882	1647867	1647496	88	F-1	441511	441880	136	CrcB	D	Integral membrane protein possibly involved in chromosome condensation	染色体凝縮におそらく関連する一体化膜タンパク質
478	441887	442267	1647491	1647111	435	F-2	441887	442262	231	-	S	Uncharacterized ACR	未同定 ACR
479	442358	442873	1647020	1645505	436	F-2	442448	442634	29	-	G	2-Phosphoglycerate kinase	2-ホスホグリセリン酸 キナーゼ
480	442922	444142	1646456	1645236	437	F-2	442931	444140	630	Dfp	H	Phosphopantothene/cysteine synthetase/decarboxylase	ホスホパントテノイルシステインシンセターゼ/デカルボキシラーゼ
481	444220	444681	1645158	1644697	89	F-1	444295	444607	39	ZntA	P	Cation transport ATPases	カチオン輸送ATPアーゼ
482	444972	445310	1644406	1644068	812	F-3	444972	445278	69	-	S	Uncharacterized ACR	未同定 ACR
483	446197	448899	1643181	1640479	1393	F-1	446209	448864	982	-	R	Distinct helicase family with a unique C-terminal domain including a metal-binding cysteine cluster	金属結合 システイン クラスタを含む特有のC末端ドメインを伴う異なるヘリカーゼ ファミリー
484	448945	450294	1640433	1639084	1392	F-1	449620	450244	148	-	R	Predicted hydrolase of the alpha/beta superfamily	α/β スーパーファミリーの推定ヒドロラーゼ
485	450481	450996	1638897	1638382	90	F-1	450481	450994	274	-	C	Rubrythrin	ルブレリトリン
486	451077	451238	1638301	1638140	813	F-3	451077	451236	111	-	C	Rubredoxin	ルブレドキシン
487	451250	451597	1638128	1637781	438	F-2	451250	451595	224	-	C	Desulfoferrodoxin	デスルホフェロドキシン
488	452770	453123	1636608	1636255	91	F-1	452818	452929	33	Mrp	D	ATPases involved in chromosome partitioning	染色体分画化ATPアーゼ
489	453183	454601	1636195	1634777	814	F-3	453318	454590	772	GlvA	E	Glycine hydroxymethyltransferase	グリシンヒドロキシメチルトランスフェラーゼ
490	454835	455341	1634543	1634037	439	F-2	454952	455234	33	-	R	Large extracellular alpha-helical protein	ラージ細胞外 α -ヘリックス タンパク質
491	455338	455502	1634040	1633876	92	F-1	455382	455437	25	-	G	Cellobiose phosphorylase	セロビオースホスホリラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 35/151

492	456330	456662	1633048	1632716	815	f-3	456330	456660	174	RPB9	K	DNA-directed RNA polymerase subunit M/Transcription elongation factor TFIS	DNA指向性RNA ポリメラーゼサブユニット M/転写延長因子 TFIS
493	456623	456835	1632755	1632543	440	f-2	456659	456734	28	WecD	KR	Histone acetyltransferase HPA2 and related acetyltransferases COG0454 WecD	ヒストンアセチルトランスフェラーゼ HPA2 および関連アセチルトランスフェラーゼ COG0454 WecD
494	456838	457587	1632540	1631791	93	f-1	456838	457585	358	DnaN	L	DNA polymerase III beta subunit (Proliferating cell nuclear antigen=PCNA)	DNA ポリメラーゼIII β サブユニット(増殖細胞核抗原=PCNA)
495	457618	458184	1631760	1631194	94	f-1	457618	458128	140	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
496	458476	459126	1630902	1630252	95	f-1	458476	459124	417	AhpC	O	Peroxioredoxin	ペロキシレドキシン
497	459138	459680	1630240	1629698	1775	f-2	459147	459678	164	RimL	J	Acetyltransferases	アセチルトランスフェラーゼ
498	459718	460674	1629660	1628704	96	f-1	459718	460603	345	-	K	Predicted transcriptional regulators	推定転写レギュレーター
499	460667	461935	1628711	1627443	2084	f-3	460670	461927	532	-	R	HD superfamily phosphohydrolases	HD スーパーファミリー ホスホヒドロラーゼ
500	462618	463808	1626760	1625570	1774	f-2	462624	463764	576	MoeA	H	Molybdopterin biosynthesis enzyme	モリブドプテリン合成 酵素
501	464266	464421	1625112	1624957	1391	f-1	464320	464380	26	RplW	J	Ribosomal protein L23	リボソーム タンパク質 L23
502	464460	464972	1624918	1624406	1773	f-2	464460	464970	218	MoaB	H	Molybdopterin biosynthesis enzymes	モリブドプテリン合成 酵素
503	465336	466562	1624042	1622816	816	f-3	465360	466560	653	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
504	466632	466847	1622746	1622531	1772	f-2	-	-	-	-	-	-	-
505	466975	467631	1622403	1621747	97	f-1	466975	467581	273	-	R	Predicted phosphoesterases	推定ホスホエステラーゼ
506	467628	468806	1621760	1620572	1771	f-2	467637	468804	686	AvrA	E	PLP-dependent aminotransferases	PLP依存性アミノトランスフェラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 36/151

507	471018	472637	1618360	1616741	1770	r-2	471027	472629	799	-	O	Predicted carbamoyl transferase	推定カルバモイルトランスフェラーゼ
508	472691	474145	1616687	1615233	2083	r-3	472706	474143	728	ProS	J	Prolyl-tRNA synthetase	プロリル-tRNA シンセターゼ
509	474239	475240	1615139	1614138	441	f-2	474239	475193	469	LdhA	CH R	Lactate dehydrogenase and related dehydrogenases COG1052 LdhA	乳酸デヒドロゲナーゼ および 関連デヒドロゲナーゼ COG1052 LdhA
510	475250	475708	1614128	1613670	442	f-2	475403	475541	45	FrnX	G	Cellulase M and related proteins	セルラーゼM および 関連タンパク質
511	475702	477042	1613676	1612336	98	f-1	475768	477031	662	-	R	Predicted DNA-binding protein containing a Zn-ribbon domain	Zn-リボンドメインを含む推定 DNA結合 タンパク質
512	477049	477657	1612329	1611721	99	f-1	477061	477640	249	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
513	477738	478031	1611640	1611347	817	f-3							
514	477971	479050	1611407	1610328	2082	r-3	477980	479039	533	GCN3	J	Translation initiation factor eIF-2B alpha subunit	翻訳 開始因子eIF-2B α サブ ユニット
515	478881	479639	1610497	1609739	818	f-3	479103	479622	191	-	R	Predicted ATPases or kinases	推定ATPアーゼ または キナ ーゼ
516	479629	480162	1609749	1609216	1390	r-1	479635	480148	228	-	R	CBS domains	CBS ドメイン
517	480198	480755	1609180	1608623	1769	r-2	480219	480501	52	ArsR	K	Predicted transcriptional regulators	推定転写レギュレーター
518	480843	481127	1608535	1608251	1768	r-2	480852	481119	129	Ssh10b	K	Archaeal DNA-binding protein	古細菌DNA結合 タンパク質
519	481315	482679	1608063	1606699	100	f-1	481315	482656	775	PurB	F	Adenylosuccinate lyase	アデニロコハク酸 リアーゼ
520	484981	485445	1604397	1603933	101	f-1	485002	485437	219	-	H	6-pyruvoyl-tetrahydropterin synthase	6-ピルビルテトラヒドロプテリン シンターゼ
521	485442	486008	1603936	1603370	1767	r-2	485529	485780	31	TrpD	E	Anthraniolate phosphoribosyltransferase	アントラニル酸ホスホリボシルト ランスフェラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 37/151

522	486065	485484	1603313	1602894	443	F-2	486080	486473	167	-	R	Predicted DNA-binding proteins with PD1-like DNA-binding motif	PD1様DNA結合 モチーフを伴う推定DNA結合 タンパク質
523	486481	488979	1602897	1600399	1389	F-1	486481	488977	1328	-	R	Specific archaeal helicases	特異的古細菌ヘリカーゼ
524	489517	490644	1598861	1598734	1388	F-1	489604	490642	651	TyrS	J	Tyrosyl-tRNA synthetase	チロシル-tRNA シンセターゼ
525	490744	491844	1598634	1597534	102	F-1	491755	491842	38	OppA	EP	ABC-type dipeptide/oligopeptide/nickel transport systems	ABC型ジペプチド/オリゴペプチド/ニッケル輸送系
526	491922	493376	1597456	1596002	819	F-3	492033	493350	412	TbpA	H	ABC-type iron/thiamine transport systems	ABC型鉄/チアミン 輸送系
527	493561	495408	1595817	1593970	103	F-1	493843	495388	396	ThiP	H	ABC-type thiamine transport system	ABC型チアミン 輸送系
528	495410	496480	1593968	1592898	444	F-2	495419	496436	314	MalK	G	ABC-type sugar/spermidine/putrescine/iron/thiamine transport systems	ABC型糖/スベルミジン/プトレシン/鉄/チアミン 輸送系
529	497090	499186	1592288	1590192	445	F-2	497276	498920	114	Icc	R	Predicted phosphohydrolases	推定ホスホヒドロラーゼ
530	499596	499949	1589782	1589429	1766	F-2	499847	499797	30	MipB	G	Transaldolase	トランスアルドラーゼ
531	500938	501252	1588440	1588126	1387	F-1	500971	501085	29	SpoJ	J	rRNA methylases	rRNA メチラーゼ
532	501249	501479	1588129	1587899	1765	F-2	501312	501420	28	AceE	C	Pyruvate dehydrogenase	ピルビン酸 デヒドロゲナーゼ
533	501658	502464	1587720	1586914	1386	F-1	501703	502453	241	DnaN	L	DNA polymerase III beta subunit (Proliferating cell nuclear antigen-PCNA)	DNA ポリメラーゼIII β サブユニット(増殖細胞核抗原=PCNA)
534	502547	502792	1586831	1586586	2081	F-3	502661	502784	30	XylB	G	Sugar (pentulose and hexulose) kinases	糖 (ペンツロースおよび ヘクスロース) キナーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 38/151

535	502785	502967	1586593	1586411	1764	r-2	502821	502959	32	RpoC	K	DNA-directed RNA polymerase beta' subunit/160 kD subunit (split gene in archaea and Syn)	DNA指向性RNA ポリメラーゼ β' サブユニット/160 kD サブユニット (古細菌におけるsplit 遺伝子および Syn)
536	503187	503354	1586191	1586024	820	r-3	503241	503325	26	AcrA	Q	Membrane-fusion protein	膜融合タンパク質
537	504971	505099	1584407	1584279	446	r-2	504971	505094	26	MarR	K	Transcriptional regulators	転写レギュレーター
538	506242	506664	1583136	1582714	1385	r-1	506404	506635	35	DeoA	F	Thymidine phosphorylase	チミジン ホスホリラーゼ
539	507506	507592	1581872	1581786	447	r-2							
540	508803	509420	1580575	1579958	1763	r-2	509091	509313	33	-	L	Inteins	インティン
541	510163	510879	1579215	1578499	1384	r-1	510235	510490	34	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
542	511923	512477	1577455	1576901	1762	r-2	512034	512298	34	MtIA	C	Phosphotransferase system	ホスホトランスフェラーゼ 系
543	513104	513481	1576274	1575897	448	r-2	513269	513386	30	ClpA	O	ATPases with chaperone activity	シャペロン 活性を有するATP アーゼ
544	513710	514261	1575668	1575117	2080	r-3	513953	514163	30	Hit	FG R	Diadenosine tetraphosphate (Ap4A) hydrolase and other HIT family hydrolases	ジアデノシン 四リン酸 (Ap4A) ヒドロラーゼ および 他のHIT ファミリー ヒドロラーゼ
545	514843	515223	1574535	1574155	1383	r-1	514873	515029	29	-	R	Uncharacterized proteins of the AP superfamily	COG0537 Hit AP スーパーファミリーの未同定タンパク質
546	515543	515791	1573835	1573587	2079	r-3	515636	515699	28	RplC	J	Ribosomal protein L3	リボソーム タンパク質 L3
547	517003	517803	1572375	1571575	1382	r-1	517276	517618	44	Smc	D	Chromosome segregation ATPases	染色体分離ATPアーゼ
548	517805	518281	1571573	1571097	2078	r-3	517997	518111	29	-	N	Predicted secreted acid phosphatase	推定分泌型酸ホスファターゼ
549	518278	518760	1571100	1570618	1381	r-1	518296	518515	28	-	R	Predicted hydrolase of alkaline phosphatase superfamily	推定ヒドロラーゼ of アルカリ ホスファターゼ スーパーファミリー

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 40/151

564	529736	529981	1559642	1559397	450	f-2	529817	529979	59	MnhB	P	Multisubunit Na ⁺ /H ⁺ antiporter	多重サブユニット Na ⁺ /H ⁺ アンチポーター
565	529978	530385	1559400	1558993	106	f-1	529978	530383	122	MnhB	P	Multisubunit Na ⁺ /H ⁺ antiporter	多重サブユニット Na ⁺ /H ⁺ アンチポーター
566	530659	532146	1558719	1557232	107	f-1	530749	531982	315	HyfB	CP	Formate hydrogenlyase subunit 3/Multisubunit Na ⁺ /H ⁺ antiporter	塩酸塩 水素リアーゼ サブユニット 3/多重サブユニット Na ⁺ /H ⁺ アンチポーター
567	532123	532530	1557255	1556848	1378	f-1	532123	532525	172	IlyH	E	Acetolactate synthase	アセト乳酸シンターゼ
568	532615	533754	1556763	1556824	108	f-1	532684	533521	77	KeFb	P	KeF-type K ⁺ transport systems	KeF型K ⁺ 輸送系
569	533789	534916	1555589	1554462	451	f-2	534575	534905	33	Snc	D	Chromosome segregation ATPases	染色体分離ATPアーゼ
570	534917	535363	1554461	1554015	2075	f-3	534926	535361	249	CheW	N	Chemotaxis signal transduction protein	化学走性 シグナル伝達タンパク質
571	535366	536694	1554012	1552684	1377	f-1	535876	536542	231	Tar	N	Methyl-accepting chemotaxis protein	メチル受容化学走性タンパク質
572	536818	536871	1552560	1552507	1376	f-1							
573	536998	537846	1552380	1551532	109	f-1	537025	537838	375	CheR	NT	Methylase of chemotaxis methyl-accepting proteins OOG1352 CheR	メチラーゼ of 化学走性メチル受容タンパク質 OOG1352 CheR
574	537847	538209	1551531	1551169	110	f-1	537847	538207	224	CheY	T	CheY-like receiver domains	CheY様レシーバードメイン
575	538230	539297	1551148	1550081	824	f-3	538230	539286	509	CheB	NT	Chemotaxis response regulator CheB	化学走性 応答レギュレーター CheB
576	539304	540950	1550074	1548428	825	f-3	539304	540906	521	CheA	N	Chemotaxis protein histidine kinase and related kinases	化学走性タンパク質 ヒスチジン キナーゼ および 関連キナーゼ
577	540986	541681	1548392	1547697	452	f-2	540986	541628	349	CheA	N	Chemotaxis protein histidine kinase and related kinases	化学走性タンパク質 ヒスチジン キナーゼ および 関連キナーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 41/151

578	541671	542294	1547707	1547084	826	F-3	541680	542289	283	CheC	NT	Chemotaxis protein CheC	化学走性 タンパク質 CheC
579	542291	542914	1547087	1546464	453	F-2	542291	542903	303	CheC	NT	Chemotaxis protein CheC	化学走性 タンパク質 CheC
580	542904	545159	1546474	1544219	827	F-3	542916	545154	640	Tar	N	Methyl-accepting chemotaxis protein	メチル受容化学走性タンパク質
581	545191	545688	1544187	1543690	111	F-1	545206	545686	259	CheD	NT	Chemotaxis protein; stimulates methylation of MCP proteins COG1871	化学走性 タンパク質 MCP タンパク質 COG1871 CheD のメチル化を刺激する
582	545706	546455	1543672	1542923	828	F-3	545692	546411	40	-	S	Uncharacterized archaeal coiled-coil domain	未同定古細菌コイルコイルドメイン
583	546468	547502	1542910	1541876	829	F-3	546477	547491	366	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
584	547499	547759	1541879	1541619	454	F-2	547538	547757	92	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
585	547630	548183	1541548	1541195	830	F-3	547830	548181	136	GimC	O	Prefoldin	プレフォルジン
586	548218	548553	1541160	1540825	112	F-1	548227	548386	32	Tas	C	Predicted oxidoreductases (related to aryl-alcohol dehydrogenases)	推定オキシドレダクターゼ (アリアルコールデヒドロゲナーゼに関連)
587	548531	549514	1540847	1539864	455	F-2	548531	549509	423	-	R	Exopolysphatase-related proteins	エキソポリホスファターゼ関連タンパク質
588	549515	549850	1539863	1539528	456	F-2	549557	549824	30	Cls	I	Phosphatidylserine/phosphatidylglycerophosphate/cardioli pin syntheses and related enzymes	ホスファチジルセリン/ホスファチジルグリセリン酸/カルジオリピンシンターゼ および関連酵素
589	550080	551150	1539298	1538228	831	F-3	550164	550494	32	TatA	N	Sec-independent protein secretion pathway components	Sec非依存性タンパク質分泌経路成分
590	551249	552460	1538129	1536918	457	F-2	551270	552290	74	NrG	R	TPR-repeat-containing proteins	TPR-リピート含有タンパク質

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 42/151

591	552309	553043	1537069	1536335	832	f-3	552318	553041	399	-	R	Uncharacterized ACR (contains C-terminal EMAP domain)	未同定ACR (C末端EMAP ド メインを含む)
592	553133	553699	1536245	1535679	458	f-2	553214	553697	265	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
593	553745	554734	1535633	1534644	2074	f-3	553745	554720	466	MviM	R	Predicted dehydrogenases and related proteins	推定デヒドロゲナーゼ および 関連タンパク質
594	554855	555676	1534523	1533702	459	f-2	554867	555674	401	-	P	Predicted divalent heavy-metal cations transporter	推定二価重金属カチオンTRAN スポーター
595	555783	556910	1533595	1532468	1757	f-2	555882	556908	419	FtsY	N	Signal recognition particle GTPase	シグナル 認識粒子 GTPアー ゼ
596	556879	558105	1532499	1531273	1375	f-1	556879	558076	334	-	L	Predicted transposases	推定トランスポサゼ
597	558125	558196	1531253	1531182	2073	f-3							
598	558864	559322	1530514	1530056	1756	f-2	558897	559002	31	-	L	Superfamily I DNA and RNA helicases and helicase subunits	スーパーファミリー I DNA およ び RNA ヘリカーゼ および ヘリカーゼ サブユニット
599	559506	560798	1529872	1528580	833	f-3	560307	560760	144	Med	N	Surface lipoprotein	表面 リポタンパク質
600	560838	562364	1528540	1527014	834	f-3	560865	562350	525	MgIA	G	ABC-type sugar (aldose) transport system	ABC型糖 (アルドース) 輸送系
601	562361	563395	1527017	1525983	460	f-2	562454	563390	104	-	R	Uncharacterized ABC-type transport system	未同定ABC型輸送系
602	563371	564303	1526007	1525075	113	f-1	563407	564241	201	-	R	Uncharacterized ABC-type transport system	未同定ABC型輸送系
603	564310	565311	1525068	1524067	1374	f-1	564310	565306	276	ZnuA	P	ABC-type Mn/Zn transport system	ABC型Mn/Zn 輸送系
604	565409	567541	1523969	1521837	461	f-2	566848	567164	34	AceE	C	Pyruvate dehydrogenase	ピルビン酸 デヒドロゲナーゼ
605	567556	567786	1521822	1521592	1373	f-1	567565	567664	28	-	S	Uncharacterized stress-induced protein	未同定ストレス誘導性タンパク 質

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 43/151

606	567865	568512	1521513	1520866	1372	f-1	567866	568507	355	-	R	Predicted phosphoribosyltransferases	推定ホスホリボシルトランスフェラーゼ
607	568711	570129	1520667	1519249	114	f-1	568747	570121	813	-	O	Acyl-CoA synthetase (NDP forming)	アシル-CoA シンセターゼ (NDP 形成)
608	570172	570729	1519206	1518649	1371	f-1	570364	570493	30	ChaC	P	Uncharacterized protein involved in cation transport	カチオン輸送に関与する未同定タンパク質
609	570898	570957	1518480	1518421	115	f-1							
610	571031	571738	1518347	1517640	462	f-2	571031	571736	351	Apah	T	Diadenosine tetraphosphatase and related serine/threonine protein phosphatases	ジアデニン テトラホスファターゼ および 関連セリン/スレオニン タンパク質 ホスファターゼ
611	571735	572070	1517643	1517308	1370	f-1	571735	571981	42	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
612	572149	574656	1517229	1514722	1369	f-1	572149	574636	1272	SpoVK	O	ATPases of the AAA+ class (cell division control protein A)	AAA+ クラスのATPアーゼ(細胞分裂制御タンパク質A)
613	574653	575411	1514725	1513967	1755	f-2	574734	575103	32	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
614	575490	576503	1513888	1512875	1754	f-2	575502	576498	595	DYS1	J	Deoxyhypusine synthase	デオキシヒプシン シンターゼ
615	576540	577586	1512838	1511792	1753	f-2	576540	577428	182	GitD	ER	NADPH-dependent glutamate synthase beta chain and related oxidoreductases COG0493	NADPH依存性グルタミン酸シンターゼ β 鎖 および 関連オキシドレダクターゼ COG0493
616	577750	578565	1511628	1510813	116	f-1	577786	578563	355	FabG	QR	Dehydrogenases with different specificities (related to short-chain alcohol dehydrogenases) COG1028 FabG	異なる特異性を有するデヒドロゲナーゼ (短鎖アルコールデヒドロゲナーゼに関連) COG1028 FabG
617	578612	579025	1510766	1510353	463	f-2	578621	578960	151	-	R	Predicted	推定ヌクレオチジルトランスフェラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 45/151

634	597520	597798	1491855	1491580	1363	1-1	597547	597730	30	PlaX	I	Fatty acid/phospholipid biosynthesis enzyme	脂防酸/リン脂質合成 酵素
635	598695	599399	1490683	1489979	1748	1-2	598704	599283	38	NatB	C	ABC-type Na ⁺ efflux pump	ABC型Na ⁺ エフフラックスポンプ
636	599396	600097	1489982	1489281	2072	1-3	599432	599986	42	-	R	ABC-type multidrug transport system	ABC型多剤輸送系
637	600094	600945	1489284	1488433	1362	1-1	600139	600934	281	GcmA	Q	ABC-type multidrug transport system	ABC型多剤輸送系
638	600958	600999	1488420	1488379	1361	1-1							
639	601388	601828	1487990	1487550	467	1-2	601388	601826	188	-	R	Predicted nucleic acid-binding protein	推定核酸結合 タンパク質
640	601912	602571	1487466	1486807	1360	1-1	602386	602563	65	-	R	Predicted DNA binding domain	推定DNA 結合ドメイン
641	602643	603974	1486735	1485404	1747	1-2	602643	603972	762	TldD	R	Predicted Zn-dependent proteases and their inactivated homologs	推定Zn依存性プロテアーゼ およびその不活性化ホモログ
642	603976	605406	1485402	1483972	1359	1-1	603985	605404	756	TldD	R	Predicted Zn-dependent proteases and their inactivated homologs	推定Zn依存性プロテアーゼ およびその不活性化ホモログ
643	605506	605823	1483872	1483555	118	1-1	605530	605815	174	MazG	R	Predicted pyrophosphatase	推定ピロホスファターゼ
644	605856	606749	1483522	1482629	1746	1-2	605859	606744	522	-	C	MinD superfamily P-loop ATPase containing an inserted ferredoxin domain	挿入されたフェレドキシンドメインを含むMinD スーパーファミリー P-ループATPアーゼ
645	606746	607678	1482632	1481700	2071	1-3	606806	607664	427	-	C	MinD superfamily P-loop ATPase containing an inserted ferredoxin domain	挿入されたフェレドキシンドメインを含むMinD スーパーファミリー P-ループATPアーゼ
646	607678	608625	1481700	1480753	1358	1-1	607678	608620	476	-	C	Fe-S oxidoreductases	Fe-S オキシドレダクターゼ
647	608720	609349	1480658	1480029	468	1-2	608720	609347	295	SmtA	QR	SAM-dependent methyltransferases	SAM依存性メチルトランスフェラーゼ COG0500 SmtA

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 46/151

648	609665	611200	1479713	1478178	469	f-2	603749	611192	473	PutA	C	NAD-dependent aldehyde dehydrogenases	NAD依存性アルデヒドデヒドロゲナーゼ
649	611281	612924	1478097	1476454	119	f-1	612169	612835	124	FecB	P	ABC-type Fe3+-siderophores transport systems	ABC型Fe3+-シデロフロファオ輸送系
650	612921	613868	1476457	1475510	838	f-3	612963	613839	185	BtuC	PH	ABC-type cobalamin/Fe3+-siderophores transport systems	ABC型コバラミン/Fe3+-シデロフロファオ輸送系
651	613855	614616	1475523	1474762	120	f-1	613858	614590	160	FepC	PH	ABC-type cobalamin/Fe3+-siderophores transport systems	ABC型コバラミン/Fe3+-シデロフロファオ輸送系
652	614613	615374	1474765	1474004	839	f-3	614850	614994	32	-	R	Putative homoserine kinase type II (protein kinase fold)	推定 ホモセリン キナーゼ 型 II (タンパク質 キナーゼ フォールド)
653	615379	616116	1473999	1473262	121	f-1	615379	616108	323	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
654	616117	616626	1473261	1472752	1357	f-1	616150	616618	275	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
655	616713	617375	1472665	1472003	840	f-3	616716	617373	325	-	R	Metal-dependent hydrolases of the beta-lactamase superfamily II	β -ラクタマーゼ スーパーファミリー II の金属依存性ヒドロラーゼ
656	617430	618005	1471948	1471373	1745	f-2							
657	617873	619891	1471505	1469487	2070	f-3	617873	619829	739	FeoB	P	Ferrous ion uptake system protein FeoB (predicted GTPase)	鉄(II)イオン取り込み 系タンパク質 FeoB (推定GTPアーゼ)
658	619888	620115	1469490	1469263	1356	f-1	619888	620104	55	FeoA	P	Protein	タンパク質
659	620116	620346	1469262	1469032	1355	f-1	620187	620341	55	FeoA	P	Protein	タンパク質
660	620526	621581	1468852	1467797	841	f-3	620853	621561	229	ModA	P	ABC-type molybdate transport system	ABC型モリブデン酸塩輸送系

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 47/151

661	621554	622366	1467824	1467012	470	f-2	621668	622349	238	CysU	P	ABC-type sulfate/molybdate transport systems	ABC型硫酸塩/モリブデン酸塩輸送系
662	622338	623402	1467040	1465976	842	f-3	622377	623397	335	CysA	P	ABC-type sulfate/molybdate transport systems	ABC型硫酸塩/モリブデン酸塩輸送系
663	623814	624353	1465564	1465025	1744	f-2	624078	624273	32	ARA1	R	Aldo/keto reductases	アルド/ケトレダクターゼ
664	624301	624510	1465077	1464868	1354	f-1	624301	624502	70	STE14	O	Putative protein-S-isoprenylcysteine methyltransferase	推定 タンパク質-S-イソプレニルシステイン メチルトランスフェラーゼ
665	624735	625205	1464643	1464173	1743	f-2	625065	625146	28	GspD	N	General secretory pathway protein D	一般的分泌経路タンパク質 D
666	625223	625891	1464155	1463487	471	f-2	625268	625595	146	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
667	625916	626170	1463462	1463208	472	f-2			55	-	R	ABC-type multidrug transport system	ABC型多剤輸送系
668	626202	626936	1463176	1462442	1742	f-2	626232	626790	206	CemA	Q	ABC-type multidrug transport system	ABC型多剤輸送系
669	626909	627853	1462469	1461525	2069	f-3	626918	627773	44	-	S	Uncharacterized proteins of WD40-like repeat family	WD40様リピートファミリーの未同定タンパク質
670	627832	628989	1461546	1460389	1353	f-1	627964	628603	198	SmtA	OR	SAM-dependent methyltransferases COG0500 SmtA	SAM依存性メチルトランスフェラーゼCOG0500 SmtA
671	629061	629687	1460317	1459691	1741	f-2	629088	629673	771	-	R	Predicted membrane components of an uncharacterized iron-regulated ABC-type transporter SufB	未同定鉄調節 ABC型トランスポーター SufBの推定膜成分
672	629684	631024	1459694	1458354	2068	f-3	629684	631022					

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 48/151

673	631021	631839	1458357	1457539	1352	r-1	631099	631822	386	-	R	Iron-regulated ABC transporter ATPase subunit SufC	未同定鉄-調節 ABC型トランス ポーター SufCの推定膜成分
674	631871	632350	1457507	1457028	473	f-2	631886	632231	196	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
675	632430	632630	1456948	1456748	843	f-3	632430	632625	46	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
676	632617	633099	1456761	1456279	122	f-1	632617	633070	203	-	R	Predicted nucleic acid-binding protein	推定核酸結合 タンパク質
677	633112	633933	1456266	1455445	123	f-1	633121	633931	381	-	R	Metal-dependent hydrolases of the beta-lactamase superfamily II	β-ラクタマーゼ スーパーファ ミリー IIの金属依存性ヒドロラ ーゼ
678	633964	634764	1455414	1454614	124	f-1	633973	634762	469	FabG	QR	Dehydrogenases with different specificities (related to short-chain alcohol dehydrogenases)	異なる特異性を有するデヒドロ ゲナーゼ(短鎖アルコールデヒド ロゲナーゼに関連する) COG1028 FabG
679	634815	635330	1454563	1454048	1740	r-2	634893	635016	30	DnaX	L	DNA polymerase III	DNA ポリメラーゼIII
680	635934	636071	1453444	1453307	1739	r-2	635982	636080	27	-	C	Uncharacterized Fe-S protein	未同定Fe-S タンパク質
681	637143	637451	1452235	1451927	844	f-3	637329	637425	29	ArtI	E	ABC-type amino acid transport system	ABC型アミノ酸輸送系
682	637487	638062	1451891	1451316	474	f-2	637520	638036	145	-	S	Predicted membrane protein	推定膜タンパク質
683	638134	639000	1451244	1450378	1351	r-1	638206	638998	409	-	S	Predicted membrane proteins	推定膜タンパク質
684	639553	639651	1449825	1449727	125	f-1							
685	639626	640396	1449752	1448982	2067	r-3	639641	640298	219	CblQ	P	ABC-type cobalt transport system	ABC型コバルト 輸送系
686	640393	641181	1448985	1448197	1350	r-1	640393	641167	299	CblO	P	ABC-type cobalt transport system	ABC型コバルト 輸送系

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 49/151

687	641204	641923	1448174	1447455	2066	r-3	641438	641909	84	BrA	H	Biotin-(acetyl-CoA carboxylase) ligase	ピオチン-(アセチル-CoA カル ボキラーゼ) リガーゼ
688	641972	642490	1447406	1446888	475	f-2	641981	642484	146	BioY	R	Uncharacterized ACR	未同定ACR
689	642511	643098	1446867	1446280	1349	r-1	642511	643081	162	MobA	H	Molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein A	モリブドプテリン-グアニンジヌク レオチド合成 タンパク質 A
690	643209	643670	1446169	1445708	845	f-3	643221	643398	31	HHT1	L	Histones H3 and H4	ヒストンH3 および H4
691	644598	646496	1444780	1442882	1738	r-2	644598	646488	1164	DAP2	E	Dipeptidyl aminopeptidases/acylamino acyl-peptidases	ディペプチジル アミノペプチダー ゼ/アシルアミノアシルペプチ ダーゼ
692	647573	650017	1441805	1439381	476	f-2	647582	650006	1260	-	R	Predicted P-loop ATPase fused to an acetyltransferase	アセチルトランスフェラーゼに融 合した推定P-ループATPアー ゼ
693	650078	650584	1439300	1438794	477	f-2	650099	650570	241	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
694	650587	651087	1438791	1438291	126	f-1	650566	651073	236	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
695	651198	652340	1438180	1437038	846	f-3	651285	652236	390	TtpA	H	ABC-type iron/thiamine transport systems	ABC型鉄/チアミン 輸送系
696	652343	653548	1437035	1435830	2065	r-3	652400	653513	272	SsnA	FR	Cytosine deaminase and related metal-dependent hydrolases COG0402 SsnA	シトシン デアミナーゼ および 関連金属依存性ヒドロラーゼ COG0402 SsnA
697	653784	655079	1435594	1434299	847	f-3	653784	655065	724	AsnS	J	Aspartyl/asparaginyl-tRNA synthetases	アスパルチル/アスパラギニル -tRNA シンセターゼ
698	655937	657688	1433441	1431690	2064	r-3	655958	657119	612	Tgt	J	Queuine/archaeosine tRNA-ribosyltransferase	キューイン/アルケオシン tRNA-リボシルトランスフェラー ゼ
699	657722	658642	1431656	1430736	2063	r-3	657722	658622	210	PitA	P	Phosphate/sulphate permeases	リン酸/硫酸塩パーミアーゼ
700	658773	659825	1430605	1429553	1737	r-2	658797	659823	362	-	M	Glycosyltransferases	グリコシルトランスフェラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 50/151

701	659850	660155	1429528	1429223	1736	r-2	659850	660120	59	-	R	Predicted acetyltransferase	推定アセチルトランスフェラーゼ
702	660246	664418	1429132	1424960	848	f-3	662859	664401	827	Lhr	R	Lhr-like helicases	Lhr様ヘリカーゼ
703	664498	665586	1424880	1423792	127	f-1	664582	665584	608	GapA	G	Glyceraldehyde-3-phosphat e dehydrogenase/erythrose-4 -phosphate dehydrogenase	グリセアルデヒド-3-リン酸 デヒドロゲナーゼ/エリトロース -4-リン酸 デヒドロゲナーゼ
704	665627	665995	1423751	1423383	478	f-2	665753	665900	28	ThrA	E	Homoserine dehydrogenase	ホモセリン デヒドロゲナーゼ
705	666332	666616	1423046	1422762	2062	r-3	666341	666608	120	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
706	666618	667169	1422760	1422209	1735	r-2	666663	667155	258	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
707	667123	667176	1422255	1422202	128	f-1							
708	667218	667724	1422160	1421654	1734	r-2	667332	667629	53	-	K	Predicted transcriptional regulators	推定転写レギュレーター
709	667824	669488	1421554	1419890	849	f-3	667914	668805	36	-	R	Predicted drug exporters of the RND superfamily	RND スーパーファミリーの推定 薬物エクスポーター
710	669735	671918	1419643	1417460	850	f-3	670269	671868	169	-	R	Predicted drug exporters of the RND superfamily	RND スーパーファミリーの推定 薬物エクスポーター
711	673707	673985	1415671	1415393	851	f-3	673707	673926	32	-	S	Uncharacterized BCR	未同定BCR
712	674033	674911	1415345	1414467	479	f-2	674039	674858	79	-	R	Predicted permeases	推定パーミアーズ
713	674957	675970	1414421	1413408	480	f-2	674957	675962	570	FruX	G	Cellulase M and related proteins	セルラーゼM および 関連タン パク質
714	676425	677294	1412953	1412084	852	f-3	676440	677232	177	-	R	Predicted ATPase of the AAA superfamily	AAA スーパーファミリーの推定 ATPアーゼ
715	677302	678150	1412076	1411228	1348	r-1	677314	678145	374	XerC	L	Integrase	インテグララーゼ
716	678143	679063	1411235	1410315	2061	r-3	678329	678989	45	-	K	Predicted transcriptional regulators	推定転写レギュレーター
717	679100	679813	1410278	1409565	2060	r-3	679127	679811	161	SfsA	G	Sugar fermentation stimulation protein	糖 醗酵 刺激タンパク質 (未同 定)

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 51/151

													(uncharacterized)	
718	679850	679924	1409528	1409454	481	F-2								
719	680156	680470	1409222	1408908	482	F-2					28	-	R	Predicted DNA-binding proteins with PD1-like DNA-binding motif
720	680606	681754	1408772	1407624	483	F-2					617	FvX	G	Cellulase M and related proteins
721	682401	682496	1406977	1406882	853	F-3								
722	682446	682799	1406932	1406579	1733	F-2					28	-	S	Uncharacterized ACR
723	682717	684711	1406661	1404667	129	F-1					883	DinG	L	Rad3-related DNA helicases
724	684698	685174	1404680	1404204	2059	F-3					33	-	L	Adenine-specific DNA methylase
725	686253	686873	1403125	1402505	1732	F-2					135	GlpG	R	Uncharacterized membrane protein (homolog of Drosophila rhomboid)
726	686863	687633	1402515	1401745	1347	F-1					273	SuhB	G	Archaeal fructose-1
727	687638	688447	1401740	1400931	2058	F-3					265	-	S	Predicted membrane proteins
728	688516	689571	1400862	1399807	130	F-1					528	GldA	C	Glycerol dehydrogenase and related enzymes
729	689568	690029	1399810	1399349	854	F-3					210	-	S	Uncharacterized ACR
730	690316	690513	1399062	1398865	1346	F-1					27	AceF	C	Dihydrolipoamide acyltransferases
731	690550	691353	1398828	1398025	1345	F-1					381	-	S	Uncharacterized ACR
732	691387	692820	1397991	1396558	1344	F-1					34	SppA	NO	Periplasmic serine proteases (GlpP class) COG0816 SppA

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 52/151

733	692817	694928	1396561	1394450	1731	r-2	694260	694908	170	MrB	L	GTPase subunit of restriction endonuclease	制限エンドヌクレアーゼのGTPアーゼ サブユニット
734	694986	695405	1394392	1393973	1730	r-2	694986	695361	160	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
735	695410	696654	1393988	1392724	1343	r-1	695410	696643	487	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
736	696651	697808	1392727	1391570	1729	r-2	696663	697806	699	-	L	DNA topoisomerase VI	DNA トポイソメラーゼ VI
737	697801	699510	1391577	1389868	1342	r-1	697807	699451	866	-	L	DNA topoisomerase VI	DNA トポイソメラーゼ VI
738	699507	700274	1389871	1389104	1728	r-2	699561	700224	275	-	R	Predicted RNA-binding protein (contains KH domains)	推定RNA結合 タンパク質 (KH ドメインを含む)
739	700228	701004	1389150	1388374	1341	r-1	700237	700993	413	RIO1	T	Predicted serine/threonine protein kinases	推定セリン/スレオニン タンパク質 キナーゼ
740	701037	701399	1388341	1387979	1727	r-2	701061	701394	198	InfA	J	Translation initiation factor IF-1	翻訳 開始因子IF-1
741	701550	702359	1387828	1387019	855	f-3	701577	702336	277	Znuc	P	ABC-type Mn/Zn transport systems	ABC型Mn/Zn 輸送系
742	702356	703177	1387022	1386201	484	f-2	702356	703175	241	Znuc	P	ABC-type Mn2+/Zn2+ transport systems	ABC型Mn2+/Zn2+ 輸送系
743	703152	703868	1386226	1385510	856	f-3	703182	703782	262	RnhB	L	Ribonuclease HII	リボヌクレアーゼ HII
744	703837	705249	1385541	1384129	1340	r-1	704299	704578	51	PMT1	O	Dolichyl-phosphate-mannose-protein O-mannosyl transferase PMT1	ドリキルリン酸-マンノース-タンパク質 O-マンノシルトランスフェラーゼ PMT1
745	705309	706460	1384069	1382918	857	f-3	705321	706449	537	SmtA	QR	SAM依存性メチルトランスフェラーゼCOG0500 SmtA	SAM依存性メチルトランスフェラーゼCOG0500 SmtA
746	706455	706655	1382923	1382723	1726	r-2	706455	706650	29	AroB	E	3-dehydroquinate synthetase	3-デヒドロキニン酸 シンセターゼ
747	706739	708556	1382639	1380822	485	f-2	706748	708554	805	GlmS	M	Glucosamine 6-phosphate synthetase	グルコサミン 6-リン酸 シンセターゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 53/151

	708558	711569	1380820	1377809	858 f-3	708582	711462	590	-	R	Uncharacterized membrane protein	未同定膜タンパク質
748												
749	711859	712440	1377519	1376938	131 f-1	711985	712315	30	RpoE	K	DNA-directed RNA polymerase specialized sigma subunits	DNA指向性RNA ポリメラーゼ 特異的 σ サブユニット
750	712445	713191	1376933	1376187	2057 f-3	712517	713177	349	Adk	F	Adenylate kinase and related kinases	アデニル酸キナーゼ および 関連キナーゼ
751	713142	713633	1376236	1375745	859 f-3	713280	713592	43	Smc	D	Chromosome segregation ATPases	染色体分離ATPアーゼ
752	713693	714955	1375685	1374423	2056 f-3	713726	714947	684	-	C	Uncharacterized flavoproteins	未同定フラビンタンパク質
753	715024	715470	1374354	1373908	1339 f-1	715024	715438	110	AhpC	O	Peroxisome	ペロキシソーム
754	715543	716427	1373835	1372951	1338 f-1	715597	716419	370	PorB	C	Pyruvate:ferredoxin oxidoreductase and related 2-oxoacid:ferredoxin oxidoreductases	ピルビン酸:フェレドキシンオキシドレダクターゼおよび 関連2-オキソ酸:フェレドキシンオキシドレダクターゼ
755	718424	718136	1372954	1371242	1725 f-2	717030	718128	453	PorA	C	Pyruvate:ferredoxin oxidoreductase and related 2-oxoacid:ferredoxin oxidoreductases	ピルビン酸:フェレドキシンオキシドレダクターゼおよび 関連2-オキソ酸:フェレドキシンオキシドレダクターゼ
756	718317	719339	1371051	1370039	860 f-3	718353	718866	213	MsrA	O	Peptide methionine sulfoxide reductase	ペプチドメチオニン スルホキシドレダクターゼ
757	719507	719788	1369871	1369590	486 f-2	719567	719732	33	AvtA	E	PLP-dependent aminotransferases	PLP依存性アミノトランスフェラーゼ
758	719790	720593	1369598	1368785	1724 f-2	719973	720528	32	XynB	G	Beta-xylosidase	β -キシロシダーゼ
759	720689	721426	1368689	1367952	2055 f-3	720704	720962	35	-			
760	721789	722304	1367589	1367074	132 f-1	721870	722299	70	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
761	722344	722481	1367034	1366897	1337 f-1	722359	722470	32	VacB	K	Exoribonucleases	エキソリボヌクレアーゼ
762	722592	723116	1366786	1366262	861 f-3	722595	723087	77	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 55/151

777	737210	737683	1352168	1351695	490	f-2	737234	737618	110	Wzb	T	Protein-tyrosine-phosphatase	タンパク質-チロシン-ホスファターゼ
778	737822	739696	1351556	1349682	2053	f-3	737828	739679	1055	-	C	Aldehyde:ferredoxin oxidoreductase	アルデヒドフェレドキシンオキシドレダクターゼ
779	739687	740523	1349691	1348855	1334	f-1	739711	740518	459	ARA1	R	Aldo/keto reductases	アルド/ケトレダクターゼ
780	740584	741294	1348794	1348084	135	f-1	740716	741283	283	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
781	741329	741541	1348049	1347837	491	f-2	741419	741518	27	-	C	Uncharacterized conserved protein containing a ferredoxin-like domain	フェレドキシン様ドメインを含む未同定保存タンパク質
782	741920	742084	1347458	1347294	492	f-2	741944	742076	28	SdrC	T	Predicted secreted protein containing a PDZ domain	PDZ ドメインを含む推定分泌型タンパク質
783	742684	743376	1346694	1346002	136	f-1	742684	743185	259	-	L	Predicted transposases	推定トランスポザーゼ
784	743424	743609	1345954	1345769	866	f-3	743481	743586	28	VapC	R	Predicted nucleic acid-binding protein	推定核酸結合タンパク質
785	743587	744603	1345791	1344775	1333	f-1	743596	744598	558	CobT	H	NaMN:DMB phosphoribosyltransferase	NaMN:DMB ホスホリボシルトランスフェラーゼ
786	744560	745372	1344818	1344006	493	f-2	744698	745208	70	PRA	O	Pyruvate-formate lyase-activating enzyme	ピルビン酸-ホルム酸活性化酵素
787	745369	746826	1344009	1342552	137	f-1	745381	746665	377	CobQ	H	Cobyrate acid synthase	コピリン酸シンターゼ
788	746823	747761	1342555	1341617	1721	f-2	746862	747171	37	SurA	O	Parvulin-like peptidyl-prolyl isomerase	パルブリン様ペプチジルプロリルイソメラーゼ
789	747766	748353	1341612	1341025	1332	f-1	747778	748315	251	-	H	GTP:adenosylcobinamide-phosphate guanylyltransferase	GTP:アデノシルコビナミドリン酸 グアニリルトランスフェラーゼ
790	748338	749033	1341040	1340345	1720	f-2	748338	749013	272	CobS	H	Cobalamin-5-phosphate synthase (Cobalamin synthase)	コバラミン-5-リン酸 シンターゼ (コバラミンシンターゼ)
791	749030	749443	1340348	1339935	2052	f-3	749042	749438	201	PgaA	I	Phosphatidylglycerophosphatase A	ホスファチジルグリセロホスファターゼ A

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 56/151

792	749440	749877	1339938	1339501	1331	f-1	749548	749829	28	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
793	750208	750714	1339170	1338664	1330	f-1	750211	750661	238	-	R	Predicted ATPases of PP-loop superfamily	推定ATPアーゼ of PP-ループスーパーファミリー
794	751954	752967	1337424	1336411	138	f-1	751999	752965	486	HisC	E	Histidinol-phosphate aminotransferase/Tyrosine aminotransferase	ヒスチジノールリン酸 アミノトランスフェラーゼ/チロシン アミノトランスフェラーゼ
795	753046	754110	1338332	1335268	139	f-1	753067	754081	386	FecB	P	ABC-type Fe3+-siderophores transport systems	ABO型Fe3+-ジデロフオア輸送系
796	754166	755410	1335212	1333968	2051	f-3	754226	755408	708	-	G	Predicted phosphoglycerate mutase	推定ホスホグリセリン酸 ムターゼ
797	755496	756431	1333882	1332947	867	f-3	755586	756408	195	ECM27	P	Ca2+/Na+ antiporter	Ca2+/Na+ アンチポーター
798	756477	756968	1332901	1332410	868	f-3	756477	756957	304	Hit	FG R	Diadenosine tetraphosphate (Ap4A) hydrolase and other HIT family hydrolases	ジアデニン tetraリン酸 (Ap4A) ヒドロラーゼ および 他 のHIT ファミリー ヒドロラーゼ
799	756958	757629	1332420	1331749	1329	f-1	756994	757156	32	-	R	Predicted amidohydrolase	COG0537 Hit 推定アミドヒドロラーゼ
800	757712	758458	1331666	1330920	2050	f-3	757733	758453	417	THY1	F	Predicted alternative thymidylate synthase	推定代替チミジル酸 シンターゼ
801	758689	759645	1330689	1329733	140	f-1	758698	759640	549	ArgF	E	Ornithine carbamoyltransferase	オルニチンカルバモイルトランスフェラーゼ
802	759762	760691	1329616	1328687	869	f-3	759762	760689	549	Sun	J	tRNA and rRNA cytosine-C5-methylases	tRNA および rRNA シトシン-C5-メチラーゼ
803	760688	761674	1328690	1327704	2049	f-3	760724	761135	33	HsIU	O	ATP-dependent protease	ATP依存性プロテアーゼ
804	762327	763418	1327051	1325960	870	f-3	762327	763383	518	LYS9	E	Saccharopine dehydrogenase and related proteins	サッカロピンデヒドロゲナーゼ および 関連タンパク質
805	763396	764058	1325982	1325320	141	f-1	763399	764041	323	Mra1	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR

58/151

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明

820	778176	778346	1311202	1311032	874	f-3	778176	778329	62	CDA1	G	Predicted xylanase/chitin deacetylase	推定キシナーゼ/キシチンデアセチラーゼ
821	778362	779411	1311016	1309967	875	f-3	778362	779409	622	PRA	O	Pyruvate-formate lyase-activating enzyme	ピルビン酸-塩酸塩 リア-ゼ活性化酵素
822	779336	780247	1310042	1309131	498	f-2	779384	779564	32	-	R	Uncharacterized protein	未同定タンパク質
823	780438	782276	1308940	1307102	876	f-3	782085	782205	34	-	L	Archaea-specific RecJ-like exonuclease	古細菌特異的RecJ様エキソヌクレアーゼ
824	782329	783108	1307049	1306270	147	f-1	782773	782986	29	Ggt	E	Gamma-glutamyltranspeptidase	γ-グルタミルトランスベプチダーゼ
825	783098	784927	1306280	1304451	2047	f-3	783182	784919	922	-	C	Uncharacterized Fe-S oxidoreductases	未同定Fe-S オキシドレダクターゼ
826	785382	786104	1303996	1303274	1719	f-2	785382	786081	310	KsgA	J	Dimethyladenosine transferase (rRNA methylation)	ジメチルアデノシン トランスフェラーゼ (rRNA メチル化)
827	786218	786838	1303160	1302540	2046	f-3	786218	786833	337	-	J	Predicted RNA-binding protein	推定RNA結合 タンパク質
828	786930	787286	1302448	1302092	1718	f-2	786936	787230	135	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
829	787283	787609	1302095	1301769	2045	f-3	787313	787604	189	RPL21A	J	Ribosomal protein L21E	リボソーム タンパク質 L21E
830	787749	788930	1301629	1300448	1717	f-2	787749	788916	492	-	J	Predicted pseudouridylyl synthase	推定プソイドウリジリル酸 シンターゼ
831	788975	789268	1300403	1300110	499	f-2	788975	789266	138	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
832	789317	789460	1300061	1299918	2044	f-3	789350	789440	27	Rfe	M	UDP-N-acetylmuramyl pentapeptide phosphotransferase/UDP-N-acetylglucosamine-1-phosphate transferase	UDP-N-アセチルムラムルペンタペプチド ホスホトランスフェラーゼ/UDP-N-アセチルグルコサミン-1-リン酸 トランスフェラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 59/151

833	789852	790022	1295526	1299356	1716	f-2	789855	789993	56	Nfi	L	Deoxyinosine 3' endonuclease (endonuclease V)	デオキシイノシン 3'エンドヌクレ アーゼ (エンドヌクレアーゼ V)
834	790438	791058	1298940	1298320	1327	f-1	790438	791038	264	-	L	Translin (RNA-binding protein)	トランスリン (RNA結合 タンパ ク質)
835	790672	790737	1298705	1298641	148	f-1							
836	791117	792469	1298261	1296909	500	f-2	791156	792467	683	AnsB	EJ	L-asparaginase/archaeal Glu-tRNA ^{Gln} amidotransferase subunit D COG0252 AnsB	L-アスパラギナーゼ/古細菌 Glu-tRNA ^{Gln} アミドトランスフェ ラーゼ サブユニット D COG0252 AnsB
837	792505	792675	1296873	1296703	149	f-1	792505	792610	34	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定 ArCR
838	792665	793114	1296713	1296264	501	f-2	792665	793079	77	-	R	Predicted nucleic acid-binding protein	推定核酸結合 タンパク質
839	793111	795000	1296267	1294378	150	f-1	793111	794998	997	GatE	J	Archaeal Glu-tRNA ^{Gln} amidotransferase subunit E (contains GAD domain)	古細菌 Glu-tRNA ^{Gln} アミドトラ ンスフェラーゼ サブユニット E (GAD ドメインを含む)
840	795038	795544	1294340	1293834	502	f-2	795356	795491	34	FtsW	D	Bacterial cell division membrane protein	細菌細胞分裂 膜タンパク質
841	796310	797536	1293068	1291842	2043	f-3	796310	797534	710	HMG1	I	Hydroxymethylglutaryl-CoA reductase	ヒドロキシメチルグルタルリ -CoAレダクターゼ
842	797552	798316	1291826	1291062	2042	f-3	797570	798311	335	-	D	ATPases involved in chromosome partitioning	染色体分画化に関与するATP アーゼ
843	798473	799534	1290905	1289844	503	f-2	798482	799517	596	Tdh	ER	Threonine dehydrogenase and related Zn-dependent dehydrogenases COG1063 Tdh	スレオニン デヒドロゲナーゼ および 関連Zn依存性デヒドロ ゲナーゼ COG1063 Tdh
844	799610	799858	1289768	1289520	504	f-2	799625	799838	55	-	S	Uncharacterized ACR	未同定 ACR
845	799848	800327	1289530	1289051	877	f-3	799848	800325	91	-	R	Predicted nucleic acid-binding protein	推定核酸結合 タンパク質

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 60/151

846	800324	800425	1289054	1288953	2041	r-3	800324	800402	26	Uup	R	ATPase components of ABC transporters with duplicated ATPase domains	二重ATPアーゼドメインを有するABC トランスポーターのATPアーゼ成分
847	800450	800518	1288928	1288860	2040	r-3							
848	800919	802424	1288459	1286954	878	f-3	800919	802422	753	PheS	J	Phenylalanyl-tRNA synthetase alpha subunit	フェニルアラニル-tRNA シンセターゼ α サブユニット
849	802436	802672	1286942	1286706	505	f-2	802478	802649	32	-	R	Predicted ATPase of the AAA superfamily	AAA スーパーファミリーの推定ATPアーゼ
850	802669	802890	1286709	1286488	151	f-1	802816	802876	26	-	R	Predicted RNA-binding protein (contains KH domains)	推定RNA結合 タンパク質 (KH ドメインを含む)
851	802887	803297	1286491	1286081	879	f-3	802887	803277	45	-	R	Predicted nucleic acid-binding protein	推定核酸結合 タンパク質
852	803294	805027	1286084	1284351	506	f-2	803303	805010	933	PheT	J	Phenylalanyl-tRNA synthetase beta subunit	フェニルアラニル-tRNA シンセターゼ β サブユニット
853	805220	806068	1284158	1283310	507	f-2	805265	806051	266	TruA	J	Pseudouridylylase synthase (tRNA psi55)	プソウドリジル酸 シンターゼ (tRNA psi55)
854	806024	807415	1283354	1281963	2039	r-3	806030	807359	722	SSL2	L	DNA or RNA helicases of superfamily II	スーパーファミリー IIのDNAまたは RNA ヘルパーゼ
855	807366	808745	1282012	1280633	880	f-3	807480	808743	673	UbiD	H	3-polyphenyl-4-hydroxybenzoate decarboxylase and related decarboxylases	3-ポリフェニル-4-セドキシ安息香酸デカルボキシラーゼ および 関連デカルボキシラーゼ
856	808746	809578	1280632	1279802	1715	r-2	808875	809043	30	RimI	R	Acetyltransferases	アセチルトランスフェラーゼ
857	810847	811266	1278531	1278112	1326	r-1	810856	811252	127	-	L	Predicted transposase	推定トランスポザーゼ
858	811367	811606	1278011	1277772	508	f-2	811391	811532	30	Hfq	R	Uncharacterized ACR	未同定ACR
859	811608	812351	1277770	1277027	881	f-3	811820	812340	392	MobB	H	Molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein	モリブドプテリン-グアニンジヌクレオチド合成 タンパク質

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 61/151

860	812635	813648	1276743	1275730	152	f-1	812755	813613	280	-	R	Predicted periplasmic binding protein	推定ペリプラスム結合タンパク質
861	813652	814113	1275726	1275265	153	f-1	813730	813889	32	UvrB	L	Helicase subunit of the DNA excision repair complex	DNA 切除修復 複合体のヘリカーゼ サブユニット
862	814077	816419	1275301	1272959	882	f-3	814140	816300	432	-	S	Integral membrane protein	内在性膜タンパク質
863	816501	816650	1272877	1272728	883	f-3							
864	816754	817728	1272624	1271650	154	f-1	816754	817711	403	-	R	Predicted archaeal sugar kinases	推定古細菌糖 キナーゼ
865	817725	818519	1271653	1270859	884	f-3	817746	817962	33	FabG	OR	Dehydrogenases with different specificities (related to short-chain alcohol dehydrogenases)	異なる特異性を有するデヒドロゲナーゼ(関連to 短鎖アルコールデヒドロゲナーゼ) COG1028 FabG
866	818623	819468	1270755	1269910	155	f-1	818650	819301	49	NosY	R	ABC-type transport system involved in multi-copper enzyme maturation	多重銅酵素 成熟に関与する ABC型輸送系
867	819475	820395	1269903	1268983	156	f-1	819475	820381	317	CcmA	Q	ABC-type multidrug transport system	ABC型多剤輸送系
868	820410	821180	1268968	1268198	1714	f-2	820458	821160	412	-	C	Acyl-CoA synthetase (NDP forming)	アシル-CoA シンセターゼ (NDP 形成)
869	821146	822570	1268232	1266808	1325	f-1	821146	822553	724	-	C	Acyl-CoA synthetase (NDP forming)	アシル-CoA シンセターゼ (NDP 形成)
870	822810	823514	1266568	1265864	1713	f-2	822810	823500	395	-	R	Predicted nucleotidyltransferase	推定ヌクレオチジルトランスフェラーゼ
871	823599	824021	1265779	1265357	885	f-3	823815	823947	29	ARA1	R	Aldo/keto reductases	アルド/ケトレダクターゼ
872	824015	825196	1265363	1264182	2038	f-3	824069	825182	278	NifG	R	TPR-repeat-containing proteins	TPR-リピート含有 タンパク質
873	825266	826294	1264112	1263084	2037	f-3	825275	826289	485	SUA5	J	Putative translation factor	推定 翻訳 因子(SUA5)

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 62/151

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子													
(SUA5)													
874	826379	827413	1262999	1261965	2036	r-3	826379	827411	358	RfaG	M	Predicted glycosyltransferases	推定グリコシルトランスフェラーゼ
875	827435	828904	1261943	1260474	2035	r-3	827453	828887	543	AsnB	E	Asparagine synthase (glutamine-hydrolyzing)	アスパラギン シンターゼ (グルタミン加水分解)
876	828985	829728	1260393	1259650	1324	r-1	828985	829720	355	-	R	GTPases	GTPアーゼ
877	829725	830471	1259653	1258907	1712	r-2	829734	830466	361	-	D	ATPases involved in chromosome partitioning	染色体分画化に関与するATPアーゼ
878	830551	832368	1258827	1257010	157	f-1	830560	832363	924	-	R	ATPases of the PflT family	PflT ファミリーのATPアーゼ
879	832337	833035	1257041	1256343	509	f-2	832469	833018	196	Maf	D	Nucleotide-binding protein implicated in inhibition of septum formation	ヌクレオチド結合 タンパク質、隔膜形成の抑制に関与する
880	836010	837260	1253368	1252118	1711	r-2	836019	837258	744	GCD1	MJ	Nucleoside-diphosphate-sugar pyrophosphorylases involved in lipopolysaccharide biosynthesis/translation initiation factor eIF2B subunits COG1208 GCD1	リボポリサッカリド生合成に関与するヌクレオシド-ジリン酸-糖ピロホスホリラーゼ/翻訳 開始因子 eIF2B サブユニット COG1208 GCD1
881	837335	837601	1252043	1251777	2034	r-3	837341	837458	35	MCM2	L	Predicted ATPase involved in replication control	複製制御に関与する推定ATPアーゼ
882	837647	839638	1251731	1249740	2033	r-3	837677	839612	820	FeoB	P	Ferrous ion uptake system protein FeoB (predicted GTPase)	鉄(II)イオン取り込み 系タンパク質 FeoB (推定GTPアーゼ)
883	839649	839885	1249729	1249493	1710	r-2	839864	839883	83	FeoA	P	Protein	タンパク質

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 63/151

884	840097	840471	1249281	1248907	158	f-1	840103	840271	29	Rfe	M	UDP-N-acetyl/muramyl pentapeptide phosphotransferase/UDP-N - acetylglucosamine-1-phosph ate transferase	UDP-N-アセチルラムシルベン タペプチド ホスホトランスフェラ ーゼ/UDP-N- アセチルグルコ サミン-1-リン酸 トランスフェラ ーゼ
885	840503	841321	1248875	1248057	510	f-2	840503	841277	389	MesJ	D	Predicted ATPase of the PP-loop superfamily implicated in cell cycle control	推定ATPアーゼ of the PP-ル ース-ループファミリー、細胞周 期制御に関与する
886	841293	842288	1248085	1247090	886	f-3	841305	842244	209	HypE	O	Hydrogenase maturation factor	ヒドロゲナーゼ 成熟 因子
887	842275	842628	1247103	1246750	159	f-1	842377	842617	50	-	R	Predicted nucleotidyltransferases	推定ヌクレオチルトランスフェ ラーゼ
888	842986	844059	1246392	1245319	1323	f-1	843040	843955	457	-	R	Predicted RNA-binding proteins	推定RNA結合 タンパク質
889	844320	844517	1245058	1244861	1709	f-2							
890	844597	845652	1244781	1243726	1322	f-1	844597	845650	473	PepP	E	Xaa-Pro aminopeptidase	Xaa-Pro アミノペプチダーゼ
891	845725	846387	1243653	1242991	160	f-1	845728	846277	96	-	R	Predicted hydrolases of the HAD superfamily	HAD スーパーファミリーの推定 ヒドロラーゼ
892	848422	845727	1242956	1242651	511	f-2	846500	846725	100	-	J	Ribosomal protein L35AE/L33A	リボソーム タンパク質 L35AE/L33A
893	846773	847903	1242605	1241475	512	f-2	846773	847895	484	TRM1	J	N2	N2
894	847896	848990	1241482	1240388	887	f-3	847896	848988	450	-	S	Uncharacterized membrane proteins	未同定膜タンパク質
895	848774	848884	1240604	1240494	2032	f-3	848777	848870	26	-	R	Predicted alternative tryptophan synthase beta-subunit (paralog of TrpB)	推定代替トリプトファンシンター ゼ β -サブユニット (TrpBのパ ラログ)

Thermomacris kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明

[illegible]

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 65/151

911	862729	864021	1226649	1225357	1317	f-1	862744	864004	586	GltP	C	Na ⁺ /H ⁺ -dicarboxylate symporters	Na ⁺ /H ⁺ -dicarboxylate シンポーター
912	864121	864819	1225257	1224559	1316	f-1	864133	864793	199	BirA	H	Biotin-(acetyl-CoA carboxylase) ligase	ビオチン-(アセチル-CoA カルボキシラーゼ) リガーゼ
913	865002	865454	1224376	1223924	890	f-3	865107	865314	30	-	R	Uncharacterized FAD-dependent dehydrogenases	未同定FAD依存性デヒドロゲナーゼ
914	865387	866304	1223991	1223074	162	f-1	865489	866302	457	FbaB	G	DhnA-type fructose-1	DhnA型フルクトース-1
915	866496	868313	1222882	1221065	891	f-3	866535	868305	800	PycA	C	Pyruvate carboxylase	ピルビン酸 カルボキシラーゼ
916	868296	868430	1221082	1220948	1705	f-2	868338	868413	26	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
917	868444	870222	1220934	1219156	163	f-1	868483	870106	640	CstA	T	Carbon starvation protein	炭素飢餓 タンパク質
918	870263	870547	1219115	1218831	516	f-2	870374	870533	30	OmpR	TK	Response regulators consisting of a CheY-like receiver domain and a HTH DNA-binding domain	CheY様レシーバードメイン および a HTH DNA結合 ドメイン
919	870532	870840	1218846	1218538	164	f-1	870586	870769	29	OppF	EP	COG0745 OmpR	COG0745 OmpR からなる応答レギュレーター
920	870842	871846	1218536	1217532	517	f-2	870851	871838	451	ArsA	P	ABC-type dipeptide/oligopeptide/nickel transport system	ABC型ジペプチド/オリゴペプチド/ニッケル輸送系
921	871836	872120	1217542	1217258	892	f-3	871845	872079	38	PaaD	R	Arsenite transporting ATPase	亜ヒ酸 輸送 ATPアーゼ
922	871942	872775	1217436	1216603	165	f-1	872578	872758	33	Smc	D	Putative aromatic ring hydroxylating enzyme	推定 芳香族環 水酸化酵素
923	872833	873117	1216545	1216261	166	f-1	872863	873061	50	AbrB	K	Chromosome segregation ATPases	染色体分離ATPアーゼ
924	873524	874306	1215854	1215072	518	f-2	873530	874292	400	PldB	I	Regulators of stationary/spore gene expression	定常期/胞子形成 遺伝子発現のレギュレーター
												Lysophospholipase	リノホスホリパーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 66/151

925	874707	874940	1214671	1214438	893	F-3	874749	874902	26	-	D	Intracellular septation protein A	細胞内隔壁タンパク質 A
926	875022	875840	1214356	1213538	894	F-3	875025	875277	33	ValS	J	Valyl-tRNA synthetase	バリル-tRNA シンターゼ
927	875837	876856	1213541	1212522	2029	F-3	875837	876854	603	PurA	F	Adenylosuccinate synthase	アデニロコハク酸 シンターゼ
928	877020	877235	1212358	1212143	895	F-3	877107	877197	31	Hmp	C	Flavodoxin reductases (ferredoxin-NADPH reductases) family 1	フラボドキシンレダクターゼ (フェレドキシン-NADPHレダクターゼ) ファミリー 1
929	877271	878197	1212107	1211181	519	F-2	877274	878180	435	WcaG	MG	Nucleoside-diphosphate-sugar epimerases COG0451	ヌクレオシド-ジリン酸-糖 エピメラゼ COG0451 WcaG
930	878209	878658	1211169	1210720	1315	F-1	878317	878650	145	Glm5	O	Predicted prefoldin	推定プレフォルジン
931	878718	878765	1210660	1210613	896	F-3							
932	878886	879182	1210492	1210196	897	F-3							
933	879211	880500	1210167	1208878	167	F-1	879229	880453	249				
934	880506	881387	1208872	1207991	898	F-3	880518	881395	365	EutG	C	Alcohol dehydrogenase IV	アルコールデヒドロゲナーゼ IV
935	881550	881654	1207828	1207724	899	F-3	881550	881646	43	EutG	C	Alcohol dehydrogenase IV	アルコールデヒドロゲナーゼ IV
936	882812	882925	1206566	1206453	2028	F-3							
937	885094	886539	1203684	1202839	1314	F-1	885694	886495	110				
938	886567	887178	1202811	1202200	1313	F-1	886557	887176	174				
939	887275	887487	1202103	1201891	168	F-1	887284	887434	40	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
940	887717	887920	1201661	1201458	520	F-2	887720	887915	54	-	R	Predicted nucleic acid-binding protein	推定核酸結合 タンパク質
941	887924	890701	1201454	1198677	521	F-2	887924	890642	1093	Lhr	R	Lhr-like helicases	Lhr様ヘリカーゼ
942	891114	891398	1198264	1197980	900	F-3	891159	891396	31	Nfo	L	Endonuclease IV	エンドヌクレアーゼ IV
943	891434	895009	1197944	1194369	522	F-2	891443	894968	1392	Smc	D	Chromosome segregation ATPases	染色体分離ATPアーゼ
944	895013	895678	1194365	1193700	523	F-2	895022	895667	248	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 67/151

945	895675	896097	1193703	1193281	1312	f-1	895898	896050	30	AcylP	C	Acylphosphatases	アシルホスファターゼ
946	896626	899040	1192752	1190338	169	f-1	896632	898126	684	MPH1	L	ERCC4-like helicases	ERCC4様ヘリカーゼ
947	899156	900004	1190222	1189374	2027	f-3	899165	899987	342	DppA	E	Uncharacterized protein associated with dipeptide transport	ジペプチド輸送に関連する未同定タンパク質
948	900134	900385	1189244	1188993	524	f-2	900230	900314	30	MglA	G	ABC-type sugar (aldose) transport system	ABC型糖 (アルドース) 輸送系
949	901696	902574	1187682	1186804	1311	f-1	901891	901987	30	TenA	K	Putative transcription activator	推定転写アクチベーター
950	902700	903458	1186678	1185920	1704	f-2	902703	903450	387	-	R	Predicted phosphate-binding enzymes	推定リン酸結合酵素
951	903912	904115	1185466	1185263	1703	f-2	903912	904077	45	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
952	904127	904555	1185251	1184823	2026	f-3	904127	904520	173	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
953	904610	905026	1184768	1184352	525	f-2	904871	904967	28	TFA1	K	Transcription initiation factor IIE	転写開始因子IIE
954	905105	906898	1184273	1182480	526	f-2	905105	906887	998	-	R	RNase L inhibitor homolog	RNアーゼL インヒビター ホモログ
955	906982	907974	1182396	1181404	170	f-1	906894	907963	387	HypE	O	Hydrogenase maturation factor	ヒドロゲナーゼ 成熟 因子
956	907975	908217	1181403	1181161	1310	f-1	907975	908215	98	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
957	908370	909260	1181008	1180118	1702	f-2	908463	909246	221	-	L	Predicted type IV restriction endonuclease	推定型 IV 制限エンドヌクレアーゼ
958	909301	910116	1180077	1179262	171	f-1	909313	910093	189	-	R	Predicted glutamine amidotransferase	推定グルタミン アミドランスクエラーゼ
959	910097	910516	1179281	1178862	527	f-2	910106	910514	190	-	R	CBS domains	CBS ドメイン
960	910513	912024	1178865	1177354	172	f-1	910531	912016	744	lec	R	Predicted phosphohydrolases	推定ホスホヒドロラーゼ
961	912021	912893	1177357	1176485	1701	f-2	912021	912879	311	-	G	2-Phosphoglycerate kinase	2-ホスホグリセリン酸 キナーゼ

68/151

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明

962	912890	914188	1176488	1175190	2025	r-3	913589	913814	45	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
963	914305	914493	1175073	1174885	173	f-1	914389	914491	27	HHT1	L	Histones H3 and H4	ヒストンH3 および H4
964	914711	915121	1174667	1174257	528	f-2	914711	915119	153	ArsR	K	Predicted transcriptional regulators	推定転写レギュレーター
965	915118	916428	1174260	1172950	174	f-1	915148	915403	37	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
966	916569	917257	1172789	1172121	529	f-2	916604	917246	142	-	S	Uncharacterized BCR	未同定BCR
967	917348	918352	1172030	1171026	530	f-2	917357	918311	400				
968	918655	918705	1170723	1170673	1309	r-1							
969	918719	919171	1170659	1170207	2024	r-3	918779	919163	149	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
970	919305	923264	1170073	1166114	901	f-3	920052	920499	60	-	L	Micrococcal nuclease (thermonuclease) homologs	マイクロコッカスヌクレアーゼ(サーモヌクレアーゼ) ホモログ
971	924116	924814	1165262	1164564	2023	r-3	924128	924773	140	RAD55	T	RecA-superfamily ATPases implicated in signal transduction	RecA-スーパーファミリー ATPアーゼ 1, シグナル伝達に関与
972	925010	927244	1164368	1162134	531	f-2	925019	926708	1043	MetG	J	Methionyl-tRNA synthetase	メチオニール-tRNA シンセターゼ
973	927249	927578	1162129	1161800	1700	r-2	927339	927576	92	-	S	Uncharacterized membrane-associated protein/domain	未同定膜結合 タンパク質/ドメイン
974	928257	929309	1161121	1160069	1699	r-2	928353	929178	45	ShcC	L	ATPase involved in DNA repair	DNA修復に関与するATPアーゼ
975	929424	929705	1159954	1159673	1698	r-2	929538	929697	33	Dcp	E	Zn-dependent oligopeptidases	Zn依存性オリゴペプチダーゼ
976	930480	931013	1158898	1158365	1697	r-2	930486	930996	219	WeeD	KR	Histone acetyltransferase HPA2 and related acetyltransferases	ヒストンアセチルトランスフェラーゼ HPA2 および 関連アセチルトランスフェラーゼ
977	931103	931576	1158275	1157802	532	f-2	931145	931556	147	Bcp	O	COG0454 WeeD	COG0454 WeeD
978	931594	932070	1157784	1157308	175	f-1	931851	932088	190	-	S	Peroxioredoxin	ペロキシレドキシ
												Uncharacterized ACR	未同定ACR

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 69/151

979	932526	933086	1156852	1156292	902	f-3	932535	933084	180	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
980	933128	933430	1156250	1155948	533	f-2	933128	933428	153	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
981	933728	933904	1155650	1155474	534	f-2	933779	933902	32	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
982	933919	934392	1155459	1154986	1308	f-1	933925	934387	75	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
983	934564	935379	1154814	1153999	176	f-1	934612	935371	180	MscS	M	Small-conductance mechanosensitive channel	小コンダクタンス機械感受性チャネル
984	935513	936664	1153865	1152714	2022	f-3	935549	936659	541	-	R	Predicted Fe-S oxidoreductases	推定Fe-S オキシドレダクターゼ
985	936666	936944	1152712	1152434	1696	f-2	936696	936942	94	MoaD	H	Molybdopterin converting factor	モリブドプテリン 転換因子
986	936987	938822	1152391	1150556	1695	f-2	937005	938814	977	-	C	Aldehyde:ferredoxin oxidoreductase	アルデヒド:フェレドキシンオキシドレダクターゼ
987	938954	940192	1150424	1149186	535	f-2	938969	940178	572	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
988	940239	940469	1149139	1148909	903	f-3							
989	940803	940937	1148575	1148441	904	f-3							
990	940934	942055	1148444	1147323	536	f-2	940943	942050	604	-	R	Uncharacterized proteins of the AP superfamily	AP スーパーファミリーの未同定タンパク質
991	942591	942917	1146787	1146461	905	f-3	942627	942897	93	-	R	Predicted nucleotidyltransferases	推定ヌクレオチジルトランスフェラーゼ
992	942914	943306	1146464	1146072	2021	f-3	943067	943286	28	TrmA	J	SAM-dependent methyltransferases related to tRNA (uracil-5-)methyltransferase	SAM依存性メチルトランスフェラーゼ、tRNA (ウラシル-5-)-メチルトランスフェラーゼに関連
993	943357	943545	1146021	1145833	1307	f-1	943357	943528	32	PyrE	F	Orotate phosphoribosyltransferase	オロチン酸ホスホリボシルトランスフェラーゼ
994	943533	943778	1145845	1145600	1694	f-2	943542	943677	46	AbrB	K	Regulators of stationary/spore gene expression	定常期/胞子形成 遺伝子発現のレギュレーター

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 70/151

995	943889	944536	1145489	1144842	2020	r-3	943889	944534	335	RpsG	J	Ribosomal protein S7	リボソームタンパク質 S7
996	944542	944934	1144836	1144384	1306	r-1	944542	944992	263	RpsL	J	Ribosomal protein S12	リボソームタンパク質 S12
997	944996	945436	1144382	1143942	2019	r-3	944999	945434	255	NusA	K	Transcription terminator	転写ターミネーター
998	945433	945741	1143945	1143637	1305	r-1	945436	945727	145	RPL30	J	Ribosomal protein L30E	リボソームタンパク質 L30E
999	945755	946939	1143623	1142439	2018	r-3	945764	946931	652	RpoC	K	DNA-directed RNA polymerase beta' subunit/160 kD subunit (split gene in archaea and Syn)	DNA指向性RNAポリメラーゼ β' サブユニット/160 kD サブユニット (古細菌におけるsplit遺伝子および Syn)
1000	946932	948164	1142446	1141214	1693	r-2	947001	948162	674	RpoC	K	DNA-directed RNA polymerase beta' subunit/160 kD subunit (split gene in archaea and Syn)	DNA指向性RNAポリメラーゼ β' サブユニット/160 kD サブユニット (古細菌におけるsplit遺伝子および Syn)
1001	948078	949662	1141299	1139716	1304	r-1	948088	949645	961	RpoC	K	DNA-directed RNA polymerase beta' subunit/160 kD subunit (split gene in archaea and Syn)	DNA指向性RNAポリメラーゼ β' サブユニット/160 kD サブユニット (古細菌におけるsplit遺伝子および Syn)
1002	949659	953030	1139719	1136348	1692	r-2	949665	953028	1967	RpoB	K	DNA-directed RNA polymerase beta subunit/140 kD subunit (split gene in Mjan)	DNA指向性RNAポリメラーゼ β サブユニット/140 kD サブユニット (Mjanにおけるsplit遺伝子)
1003	953048	953296	1136330	1136082	2017	r-3	953048	953294	118	RPB5	K	DNA-directed RNA polymerase	DNA指向性RNAポリメラーゼ
1004	953495	954190	1135683	1135188	2016	r-3	953510	954185	408	TrxA	OC	Thiol-disulfide isomerase and thioredoxins COG0526 TrxA	チオールジスルフィドイソメラーゼおよびチオレドキシン COG0526 TrxA
1005	954301	955020	1135077	1134358	177	f-1	954316	955009	280	-	K	Predicted transcriptional regulators	推定転写レギュレーター
1006	955204	956391	1134174	1132987	178	f-1	955213	956347	629	FixC	C	Dehydrogenases (flavoproteins)	デヒドロゲナーゼ (フラビンタンパク質)

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 71/151

1007	956375	956533	1133003	1132845	2015	r-3	956402	956498	26	-	S	Uncharacterized BCR	未同定BCR
1008	957270	957638	1132108	1131740	906	f-3	957477	957579	28	-	R	Predicted integral membrane protein	推定内在性膜タンパク質
1009	957640	961329	1131738	1128049	1303	r-1	957649	958597	493	TopA	L	Topoisomerase IA	トポイソメラーゼ IA
1010	961407	962324	1127971	1127054	907	f-3	961689	961947	35	FepC	PH	ABC-type cobalamin/Fe3+-siderophores transport systems	ABC型コバラミン/Fe3+-ジデロフォア 輸送系
1011	962372	962575	1127006	1126803	537	f-2	962372	962573	108	ThiS	H	Sulfur transfer protein involved in thiamine biosynthesis	硫黄転移タンパク質、チアミン合成に関与
1012	962593	963804	1126785	1125574	1302	r-1	962605	963799	691	AvtA	E	PLP-dependent aminotransferases	PLP依存性アミノトランスフェラーゼ
1013	964168	964827	1125210	1124551	179	f-1	964495	964822	139	-	S	Uncharacterized membrane protein	未同定膜タンパク質
1014	964831	965430	1124547	1123948	1301	r-1	965176	965329	36	SbcC	L	ATPase involved in DNA repair	DNA修復に関与するATPアーゼ
1015	965603	965896	1123775	1123482	538	f-2	965612	965894	188	RPL42A	J	Ribosomal protein L44E	リボソームタンパク質 L44E
1016	965901	966098	1123477	1123280	908	f-3	965901	966096	128	RPS27A	J	Ribosomal protein S27E	リボソームタンパク質 S27E
1017	966166	967002	1123212	1122376	180	f-1	966175	966955	461	SUJ2	J	Translation initiation factor eIF2alpha	翻訳 開始因子eIF2 α
1018	967002	967181	1122376	1122197	909	f-3	967002	967176	120	-	J	Predicted Zn-ribbon RNA-binding protein	推定Zn-リボンRNA結合 タンパク質
1019	967184	967987	1122194	1121391	539	f-2	967184	967985	394	-	R	Uncharacterized proteins of the ATP-grasp superfamily	ATP-grasp スーパーファミリーの未同定タンパク質
1020	968134	968757	1121244	1120621	181	f-1	968143	968734	142	CblM	H	Cobalamin biosynthesis protein CblM	コバラミン合成 タンパク質 CblM
1021	968754	969002	1120624	1120376	910	f-3	968760	968970	33	CblM	H	Cobalamin biosynthesis protein CblM	コバラミン合成 タンパク質 CblM

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 72/151

1022	968995	969663	1120383	1119715	182	f-1	969193	969643	72	CbiQ	P	ABC-type cobalt transport system	ABC型コバルト 輸送系
1023	969660	970463	1119718	1118915	911	f-3	969860	970404	233	CbiO	P	ABC-type cobalt transport system	ABC型コバルト 輸送系
1024	970555	971892	1118823	1117486	183	f-1	971431	971527	33	AprE	O	Subtilisin-like serine proteases	スブチリシン様セリン プロテアーゼ
1025	971952	973340	1117426	1116038	1691	f-2	971970	973332	788	CpsG	G	Phosphomannomutase	ホスホマンノムターゼ
1026	973366	974772	1116012	1114606	1300	f-1	973375	974356	455	CpsB	M	Mannose-1-phosphate guanylyltransferase	マンノース-1-リン酸 グアニリルトランスフェラーゼ
1027	974823	976277	1114555	1113101	1690	f-2	975489	975720	32	-	K	RNA-binding proteins (RRM domain)	RNA結合 タンパク質 (RRM ドメイン)
1028	976234	976803	1113144	1112575	1299	f-1	976240	976795	340	-	GR	Thermophilic glucose-6-phosphate isomerase and related metalloenzymes COG2140 -	好熱性グルコース-6-リン酸 イソメラーゼ および 関連メタロ酵素COG2140 -
1029	976871	977053	1112507	1112325	2014	f-3	976880	977042	59	NusA	K	Transcription terminator	転写ターミネーター
1030	977082	977765	1112296	1111613	1689	f-2	977082	977730	174	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1031	977762	978706	1111616	1110672	2013	f-3	977762	978671	401	ElaC	R	Metal-dependent hydrolases of the beta-lactamase superfamily III	β -ラクタマーゼ スーパーファミリー II の金属依存性ヒドロラーゼ
1032	978776	979747	1110602	1109631	540	f-2	978791	979706	234	NrfG	R	TPR-repeat-containing proteins	TPR-リピート含有 タンパク質
1033	979826	981100	1109552	1108278	541	f-2	979841	981095	488	TrmA	J	SAM-dependent methyltransferases related to tRNA (uracil-5-)-methyltransferase	SAM依存性メチルトランスフェラーゼ関連to tRNA (ウラシル-5-)-メチルトランスフェラーゼ
1034	981159	981425	1108219	1107953	1688	f-2	981168	981357	28	DapD	E	Tetrahydronicotinate N-succinyltransferase	テトラヒドロニコチン酸N-スルシニルトランスフェラーゼ

Thermomacoccus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに目される遺伝子の配列													
1035	981762	981815	1107616	1107563	1687	r-2							
1036	982136	982483	1107242	1106895	542	r-2		982136	982481	168	-	H	6-pyruvoyl-tetrahydropterin synthase
													ン シンターゼ
1037	982480	982953	1106998	1106425	1298	r-1		982480	982822	142	-	S	未同定 ACR
1038	983025	983486	1106353	1105892	912	r-3		983058	983460	115	GIM5	O	推定プレフォルジン
1039	983483	983821	1105895	1105557	543	r-2		983516	983723	35	GimC	O	プレフォルジン
1040	983802	984371	1105576	1105007	1686	r-2		983802	984354	278	PorG	C	ピルビン酸:フェレドキシンオキシドレダクターゼおよび 関連2-オキソ酸:フェレドキシンオキシドレダクターゼ
1041	984359	985399	1105019	1103979	2012	r-3		984554	985397	537	PorB	C	ピルビン酸:フェレドキシンオキシドレダクターゼおよび 関連2-オキソ酸:フェレドキシンオキシドレダクターゼ
1042	985204	986352	1104174	1103026	1297	r-1		985204	986338	639	PorA	C	ピルビン酸:フェレドキシンオキシドレダクターゼおよび 関連2-オキソ酸:フェレドキシンオキシドレダクターゼ
1043	986349	986912	1103029	1102466	1685	r-2		986400	986904	284	PorG	C	ピルビン酸:フェレドキシンオキシドレダクターゼおよび 関連2-オキソ酸:フェレドキシンオキシドレダクターゼ
1044	986851	987246	1102527	1102132	1296	r-1		986935	987235	96	-	S	未同定 ACR
1045	987243	987566	1102135	1101812	1684	r-2		987297	987375	32	-	R	推定ヌクレオチジルトランスフェラーゼ
1046	987517	988383	1101861	1100895	1295	r-1		987517	988369	501	PorB	C	ピルビン酸:フェレドキシンオキシドレダクターゼおよび 関連2-オキソ酸:フェレドキシンオキシドレダクターゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 74/151

1047	988383	989573	1100995	1099805	1683	r-2	988383	989571	743	PorA	C	Pyruvate:ferredoxin oxidoreductase and related 2-oxoacid:ferredoxin oxidoreductases	ピルビン酸:フェレドキシンオキ シドレダクターゼおよび 関連2- オキソ酸:フェレドキシンオキシド レダクターゼ
1048	989577	989894	1099801	1099484	1682	r-2	989577	989877	125	-	C	Ferredoxin 3	フェレドキシン3
1049	990762	991511	1098616	1097667	913	f-3	991125	991500	33	OcmA	Q	ABC-type multidrug transport system	ABC型多剤輸送系
1050	991803	991991	1097575	1097387	914	f-3							
1051	992036	993010	1097342	1096368	2011	r-3	992042	993002	446	-	R	Predicted Fe-S oxidoreductases	推定Fe-S オキシドレダクター ゼ
1052	994241	995020	1095137	1094358	544	f-2	994241	994985	244	SurE	R	Survival protein	生存タンパク質
1053	995047	995112	1094331	1094266	184	f-1							
1054	995380	995844	1093998	1093534	185	f-1	995419	995779	78	-	S	Predicted membrane protein	推定膜タンパク質
1055	995878	996558	1093500	1092820	1294	r-1	995881	996550	278	SpoVK	O	ATPases of the AAA+ class	AAA+ クラスのATPアーゼ
1056	997037	998464	1092341	1090914	545	f-2	997097	998456	785	SerS	J	Seryl-tRNA synthetase	Seryl-tRNA シンセターゼ
1057	998525	999265	1090853	1090113	2010	r-3	998588	999200	298	Nth	L	Predicted EndoIII-related endonuclease	推定EndoIII-関連エンドヌクレア ーゼ
1058	999750	1000229	1089628	1089149	915	f-3	999843	1000212	168	-	K	Predicted transcriptional regulators	推定転写レギュレーター
1059	1000226	1001212	1089152	1088166	546	f-2	1000235	1001201	503	CcmA	Q	ABC-type multidrug transport system	ABC型多剤輸送系
1060	1001217	1001987	1088161	1087391	916	f-3	1001217	1001982	355	-	R	ABC-type multidrug transport system	ABC型多剤輸送系
1061	1002002	1003240	1087376	1086138	2009	r-3	1002005	1003226	590	Pgk	G	3-phosphoglycerate kinase	3-ホスホグリセリン酸 キナー ゼ
1062	1003253	1005466	1086125	1083912	547	f-2	1003355	1003715	40	Mrr	L	Restriction endonuclease	制限エンドヌクレアーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 75/151

1063	1005467	1006087	1083911	1083291	2008	r-3	1005581	1005884	38	LeuA	E	Isopropylmalate/homocitrate/citramalate synthases	インプロピルリンゴ酸/ホモクエン酸/シトラリンゴ酸 シンターゼ
1064	1006202	1007890	1083176	1081488	2007	r-3	1006202	1007888	1040	Sbm	I	Methylmalonyl-CoA mutase	メチルマロニル-CoA ムターゼ
1065	1007979	1010192	1081399	1079186	1681	r-2	1008876	1009398	41	AlsD	H	Glutamate-1-semialdehyde aminotransferase	グルタミン酸-1-セミアルデヒドアミノトランスフェラーゼ
1066	1010189	1010956	1079189	1078422	2006	r-3	1010246	1010591	94	NosY	R	ABC-type transport system involved in multi-copper enzyme maturation	ABC型輸送系、多重銅酵素 成熟に関与
1067	1011011	1011949	1078367	1077429	2005	r-3	1011011	1011938	464	CcmA	Q	ABC-type multidrug transport system	ABC型多剤輸送系
1068	1012013	1012879	1077365	1076499	548	r-2	1012013	1012862	332	YSH1	J	Predicted exonuclease of the beta-lactamase fold involved in RNA processing	RNAプロセシングに関与するβ-ラクタマーゼ フォールドの推定エキソヌクレアーゼ
1069	1012961	1013278	1076417	1076100	549	r-2	1013114	1013255	29	MdIB	Q	ABC-type multidrug/protein/lipid transport system	ABC型多重薬剤/タンパク質/脂質 輸送系
1070	1013371	1013883	1076007	1075495	186	r-1	1013407	1013806	214	IbpA	O	Molecular chaperone (small heat shock protein)	分子シャペロン (スモール熱ショックタンパク質)
1071	1013995	1014411	1075383	1074967	1293	r-1	1014265	1014361	30	FlgD	N	Flagellar hook capping protein	鞭毛 フック キャッピングタンパク質
1072	1014829	1017228	1074549	1072150	187	r-1	1014829	1017226	1310	SpoVK	O	ATPases of the AAA+ class	AAA+ クラスのATPアーゼ
1073	1017331	1020711	1072047	1068667	188	r-1	1018411	1018545	56	-	L	Type II restriction enzyme	型 II 制限酵素
1074	1020821	1020970	1068557	1068408	2004	r-3	1020854	1020962	26	-	R	Predicted hydrolase of alkaline phosphatase superfamily	アルカリホスファターゼ スーパーファミリーの推定ヒドロラーゼ
1075	1021424	1022338	1067954	1067040	550	r-2	1021535	1022261	177	FolP	H	Dihydropterolate synthase	ジヒドロプテリン酸 シンターゼ
1076	1022319	1023311	1067059	1066067	1680	r-2	1022328	1023294	249	PerM	R	Predicted permease	推定パーミアアーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 76/151

	1077	1023301	1023780	1066077	1065598	1292	r-1	1023463	1023637	32	TldD	R	Predicted Zn-dependent proteases and their inactivated homologs	推奨Zn依存性プロテアーゼ およびその不活性化ホモログ
1078	1023781	1024785	1065597	1064593	1064593	1291	r-1	1023781	1024759	278	SppA	NO	Periplasmic serine proteases (ClpP class) COG0616 SppA	ペリプラスムセリン プロテアーゼ (ClpP クラス) COG0616 SppA
1079	1024877	1025992	1064501	1063686	1063686	551	f-2	1024886	1025681	417	IolE	G	Sugar phosphate isomerases/epimerases	糖 リン酸 イソメラーゼ/エピメラーゼ
1080	1025682	1026086	1063696	1063292	1063292	1679	r-2	1025892	1026018	29	LeuB	E	Isocitrate/isopropylmalate dehydrogenase	イソクエン酸/イソプロピルリンゴ酸デヒドロゲナーゼ
1081	1026083	1026376	1063295	1063002	1063002	2003	r-3	1026122	1026374	146	RPB11	K	DNA-directed RNA polymerase	DNA指向性RNA ポリメラーゼ
1082	1026357	1026986	1063021	1062392	1062392	1678	r-2	1026357	1026984	248	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
1083	1026983	1027579	1062395	1061799	1061799	2002	r-3	1026986	1027571	280	-	J	Predicted RNA-binding protein (consists of S1 domain and a Zn-ribbon domain)	推定RNA結合 タンパク質 (S1 ドメインおよびZn-リボンドメインからなる)
1084	1027657	1029558	1061721	1059820	1059820	189	f-1	1027678	1029556	1040	ThrS	J	Threonyl-tRNA synthetase	トレオニル-tRNA シンセターゼ
1085	1029517	1030068	1059861	1059310	1059310	1290	r-1	1029589	1029943	34	HsdM	L	Type I restriction-modification system methyltransferase subunit	[型制限-修飾系メチルトランスフェラーゼ サブユニット
1086	1030276	1030950	1059102	1058428	1058428	1289	r-1	1030711	1030900	32	UvrC	L	Nuclease subunit of the excinuclease complex (TBP-interacting protein)	エキヌクレアーゼ 複合体のヌクレアーゼサブユニット(TBP 相互作用タンパク質)
1087	1031013	1031807	1058365	1057571	1057571	1877	r-2	1031013	1031805	431	UppS	I	Undecaprenyl pyrophosphate synthase	ウンデカプレニルピロリン酸シンターゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 77/151

1088	1031814	1032344	1057564	1057034	1676	r-2	1031823	1032336	291	PaaY	R	Carbonic anhydrases/acetyltransferases	炭酸脱水酵素/アセチルトランスフェラーゼ
1089	1032406	1032792	1056972	1056586	190	f-1	1032412	1032781	137	-	L	Holliday junction resolvase - archaeal type	ホリデイ 接合部 レゾルバース - 古細菌型
1090	1032841	1034373	1056537	1055005	191	f-1	1032913	1033582	45	-	S	Predicted membrane protein	推定膜タンパク質
1091	1034458	1035498	1054920	1053880	192	f-1	1034458	1035493	551	FvX	Q	Cellulase M and related proteins	セルラーゼM および 関連タンパク質
1092	1035541	1036101	1053837	1053277	193	f-1	1035547	1036087	185	-	R	Predicted Zn-dependent proteases	推定Zn依存性プロテアーゼ
1093	1036098	1036649	1053280	1052729	917	f-3	1036104	1036623	254	OyaB	F	Adenylate cyclase	アデニル酸シクラース
1094	1036636	1037469	1052742	1051909	194	f-1	1037026	1037341	48	NHfG	R	TPR-repeat-containing proteins	TPR-リピート含有 タンパク質
1095	1037390	1038229	1051988	1051149	2001	r-3	1037390	1038167	275	ChiO	P	ABC-type cobalt transport system	ABC型コバルト 輸送系
1096	1038226	1039704	1051152	1049674	1288	f-1	1038226	1039687	621	TrkG	P	Trk-type K+ transport systems	Trk型K+ 輸送系
1097	1039796	1040683	1049582	1048695	552	f-2	1039808	1040681	417	Map	J	Methionine aminopeptidase	メチオニン アミノペプチダーゼ
1098	1041012	1041071	1048366	1048307	918	f-3	-	-	-	-	-	-	-
1099	1041624	1041935	1047754	1047443	919	f-3	1041705	1041822	31	SurA	O	Parvulin-like peptidyl-prolyl isomerase	パルブリン様ペプチジル-プロリル イソメラーゼ
1100	1042133	1042384	1047245	1046994	553	f-2	1042145	1042382	141	-	R	Predicted nucleic acid-binding protein	推定核酸結合 タンパク質
1101	1042526	1043701	1046852	1045677	554	f-2	1042526	1043696	659	-	R	CBS domains	CBS ドメイン
1102	1043676	1044812	1045702	1044566	1675	r-2	1043805	1044027	34	NuoL	CP	NADH:ubiquinone oxidoreductase subunit 5 (chain L)/Multisubunit Na+/H+ antiporter	NADH:ユビキノンオキシドレダクターゼサブユニット 5 (鎖 L)/多重サブユニット Na+/H+ アンチポーター

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 78/151

1103	1044809	1048068	1044569	1043310	2000	r-3	1044809	1046030	664	GCD1	MJ	Nucleoside-diphosphate-sugar pyrophosphorylases involved in lipopolysaccharide biosynthesis/translation initiation factor eIF2B subunits COG1208 GCD1	リポポリサッカリド合成に関与するヌクレオシド-ジリン酸-糖ピロホスホリラーゼ/翻訳開始因子-eIF2B サブユニット COG1208 GCD1
1104	1047016	1048092	1042362	1041286	195	f-1	1047016	1048078	543	-	R	Predicted GTPase	推定GTPアーゼ
1105	1048209	1048610	1041169	1040768	1674	r-2	1048218	1048596	207	RPS8A	J	Ribosomal protein S8E	リボソームタンパク質 S8E
1106	1048684	1048761	1040694	1040617	1287	r-1							
1107	1048718	1049599	1040660	1039779	555	f-2	1049000	1049093	30	HypF	O	Hydrogenase maturation factor	ヒドロゲナーゼ成熟因子
1108	1049596	1051275	1039782	1038103	1286	r-1	1048674	1051264	897	PyrG	F	GTP synthase (UTP-ammonia lyase)	GTP シンターゼ (UTP-アンモニア リアーゼ)
1109	1051307	1051711	1038071	1037667	1999	r-3	1051316	1051682	168	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
1110	1051708	1051995	1037670	1037383	1285	r-1	1051720	1051993	150	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
1111	1052192	1052701	1037186	1036677	556	f-2	1052495	1052684	32	PtsA	G	Phosphoenolpyruvate-kinase (PTS system EI component in bacteria)	ホスホエノールピルビン酸-キナーゼ (細菌におけるPTS 系EI 成分)
1112	1052753	1053022	1036625	1036356	557	f-2	1052792	1053005	29	Ter	N	Methyl-accepting chemotaxis protein	メチル受容化学走性タンパク質
1113	1053032	1053793	1036346	1035585	558	f-2	1053032	1053791	411	NrdG	O	Organic radical activating enzymes	有機ラジカル活性化酵素
1114	1053859	1055274	1035519	1034104	196	f-1	1053952	1055269	727	TIP49	L	DNA helicase TIP49	DNA ヘリカーゼ TIP49
1115	1055358	1055663	1034020	1033715	920	f-3	1055370	1055445	28	AlsT	E	Na+/alanine symporter	Na+/アラニン シンポーター
1116	1056285	1056395	1033093	1032983	921	f-3							
1117	1056392	1057381	1032986	1031997	1998	r-3	1056605	1056746	33	Rpe	G	Pentose-5-phosphate-3-epimerase	ペントース-5-リン酸-3-エピメラーゼ
1118	1057362	1057835	1032016	1031543	1673	r-2	1057494	1057680	31	Ffh	N	Signal recognition particle	シグナル認識粒子 GTPアーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 79/151

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに目まれる遺伝子の説明													
												GTPase	ゼ
1119	1057832	1058302	1031546	1031076	1997	r-3	1058003	1058102	28	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1120	1058495	1059043	1030883	1030335	559	f-2	1058543	1059041	260	-	R	Phospholipid-binding protein	リン脂質結合 タンパク質
1121	1059047	1059307	1030331	1030071	1996	r-3	1059104	1059284	30	RfaG	M	Predicted glycosyltransferases	推定グリコシルトランスフェラーゼ
1122	1059399	1059863	1029979	1029515	1672	r-2	1059485	1059795	40	NrfG	R	TPR-repeat-containing proteins	TPR-リピート含有 タンパク質
1123	1059921	1060517	1029457	1028861	922	f-3	1059933	1060434	108	GraC	O	Glutaredoxin and related proteins	グルタレドキシンおよび 関連タンパク質
1124	1060582	1061310	1028796	1028068	197	f-1	1060582	1061296	247	CcdA	O	Cytochrome c biogenesis protein	シトクロムc 生物発生タンパク質
1125	1061307	1061768	1028071	1027610	1671	r-2	1061322	1061766	237	Lrp	K	Transcriptional regulators	転写レギュレーター
1126	1061878	1063221	1027500	1026157	198	f-1	1061878	1063186	614	ArgD	E	PLP-dependent aminotransferases	PLP依存性アミノトランスフェラーゼ
1127	1063298	1064599	1026080	1024779	560	f-2	1063325	1064597	535	UraA	F	Xanthine/uracil permeases	キサンチン/ウラシルパーミアーゼ
1128	1064656	1065000	1024722	1024378	1284	r-1						Formate hydrogentyase subunit 6/NADH:ubiquinone oxidoreductase 23 kD subunit (chain I)	鋸酸塩 水素リアーゼ サブユニット 6/NADH:ユビキノンのキシンドレダク
1129	1065370	1066023	1024008	1023355	1283	r-1	1065370	1065943	316	NuoI	C	NADH:ubiquinone oxidoreductase 49 kD subunit 7	ターゼ49 kD サブユニット 7
1130	1066020	1067213	1023358	1022165	1670	r-2	1066053	1067211	652	NuoD	C	NADH:ubiquinone oxidoreductase 27 kD subunit	NADH:ユビキノンのキシンドレダク
1131	1067215	1067811	1022163	1021567	1282	r-1	1067317	1067797	180	NuoC	C	NADH:ubiquinone oxidoreductase 27 kD subunit	NADH:ユビキノンのキシンドレダク

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 80/151

1132	1067793	1068392	1021585	1020986	1669	r-2	1067838	1068390	335	NuoB	C	NADH:ubiquinone oxidoreductase 20 kD subunit and related Fe-S oxidoreductases	NADH:ubiquinol oxidoreductase 20 kD subunit およ び 関連Fe-S オキシドレダク ターゼ
1133	1068394	1069287	1020984	1020091	1281	r-1	1069405	1069240	367	HyfC	C	Formate hydrogenlyase subunit 4	蟻酸塩 水素リアーゼ サブ ユニット 4
1134	1069288	1071138	1020090	1018240	1280	r-1	1069288	1071115	678	HyfB	CP	Formate hydrogenlyase subunit 3/Multisubunit Na+/H+ antiporter	蟻酸塩 水素リアーゼ サブ ユニット 3/多重サブユニット Na+/H+ アンチポーター
1135	1070858	1070965	1018520	1018413	561	f-2							
1136	1071135	1072622	1018243	1016756	1668	r-2	1071186	1072614	713	HyfB	CP	Formate hydrogenlyase subunit 3/Multisubunit Na+/H+ antiporter	蟻酸塩 水素リアーゼ サブ ユニット 3/多重サブユニット Na+/H+ アンチポーター
1137	1072619	1072963	1016759	1016415	1995	r-3	1072619	1072961	194	MnhC	P	Multisubunit Na+/H+ antiporter	多重サブユニット Na+/H+ アン チポーター
1138	1072960	1073688	1016418	1015690	1279	r-1	1072963	1073686	333	MnhB	P	Multisubunit Na+/H+ antiporter	多重サブユニット Na+/H+ アン チポーター
1139	1073670	1073954	1015708	1015424	1667	r-2	1073745	1073919	68	-	P	Predicted subunit of the Multisubunit Na+/H+ antiporter	多重サブユニット Na+/H+ アン チポーターの推定サブユニット
1140	1073951	1074343	1015427	1015035	1994	r-3	1073951	1074290	168	MnhG	P	Multisubunit Na+/H+ antiporter	多重サブユニット Na+/H+ アン チポーター
1141	1074340	1074594	1015038	1014784	1278	r-1	1074340	1074592	133	MnhF	P	Multisubunit Na+/H+ antiporter	多重サブユニット Na+/H+ アン チポーター
1142	1074591	1075124	1014787	1014254	1666	r-2	1074591	1075119	258	MnhE	P	Multisubunit Na+/H+ antiporter	多重サブユニット Na+/H+ アン チポーター
1143	1075360	1075860	1014018	1013518	1277	r-1	1075360	1075858	305	-	E	Predicted regulator of amino acid metabolism (contains the ACT domain)	アミノ酸代謝の推定レギュレ ーター(ACT ドメインを含む)

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 81/151

1144	1076013	1077278	1013365	1012100	923	f-3	1076019	1077276	687	-	R	Predicted Fe-S oxidoreductase	推定Fe-S オキシドレダクターゼ
1145	1077432	1077986	1011946	1011392	924	f-3	1077708	1077936	32	RibF	H	FAD synthase	FAD シンターゼ
1146	1078071	1079189	1011307	1010189	1665	f-2	1078071	1079187	569	WecB	M	UDP-N-acetylglucosamine 2-epimerase	UDP-N-アセチルグルコサミン 2-エピメラーゼ
1147	1079201	1080472	1010177	1008906	1993	f-3	1079219	1080467	577	WecC	M	UDP-N-acetyl-D-mannose 6-phosphate dehydrogenase	UDP-N-アセチル-D-マンノサミン酸 デヒドロゲナーゼ
1148	1080723	1081862	1008655	1007516	925	f-3	1080759	1081797	524	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
1149	1082285	1084639	1007093	1004739	562	f-2	1082735	1084637	891	ArgS	J	Arginyl-tRNA synthetase	アルギニル-tRNA シンセターゼ
1150	1082363	1082779	1007015	1006599	1992	f-3	1082441	1082765	123	LplA	H	Lipoate-protein ligase A	リポ酸-タンパク質 リガーゼ A
1151	1084640	1085716	1004738	1003662	1991	f-3	1084640	1085696	377	-	R	Predicted ATPase of the AAA superfamily	AAA スーパーファミリーの推定 ATPアーゼ
1152	1085820	1086698	1003558	1002680	926	f-3	1085820	1086694	375	DapA	EM	Dihydrodipicolinate synthase/N-acetylneuramin ate lyase COG0329 DapA	ジヒドロジピコリン酸 シンターゼ/N-アセチルノイラミン酸 リアーゼ COG0329 DapA
1153	1086762	1086986	1002616	1002392	927	f-3	1086765	1086870	25	PhrB	L	Deoxyribodipyrimidine photolyase	デオキシリボジピリミジン ホトリアーゼ
1154	1087256	1088512	1002122	1000866	1990	f-3	1087265	1088507	746	eRF1	J	Peptide chain release factor eRF1	ペプチド鎖 遊離因子eRF1
1155	1088568	1088813	1000810	1000565	1664	f-2	-	-	-	-	-	-	-
1156	1088815	1089384	1000563	999994	1276	f-1	1089229	1089355	32	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
1157	1089160	1089210	1000218	1000168	199	f-1	-	-	-	-	-	-	-
1158	1089484	1089639	999894	999739	1275	f-1	1089532	1089634	26	Fba	G	Fructose/tagatose biphosphate aldolase (fructose 1,6-bisphosphate aldolase)	フルクトース/タガトース ビスリン酸 アルドラーゼ(フルクトース 1, 6-ビスホスファート アルドラーゼ)
1159	1089909	1090604	999469	998774	1663	f-2	1090068	1090266	37	BaeS	T	Sensory transduction	感覚器 伝達ヒスチジン キナー

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 82/151

Thermococcus kodakaraensis KOD1

											histidine kinases	ゼ	
1160	1091118	1091525	998260	997853	1662	r-2		1091292	1091415	33	GloB	R	Zn 依存性ヒドロラーゼ
1161	1091646	1092197	997732	997181	928	f-3		1091877	1092138	37	-	S	未同定 ACR
1162	1092206	1093522	997172	995856	1989	r-3		1092212	1093496	443	-	M	推定膜結合 Zn 依存性プロテ ーゼ 1
1163	1093556	1093957	995822	995421	1988	r-3		1093556	1093952	189	-	S	未同定 ACR
1164	1093967	1095127	995411	994251	1987	r-3		1093967	1095125	593	-	S	未同定 ACR
1165	1096375	1096639	993003	992539	200	f-1		1096384	1096816	242	RpsO	J	リボソーム タンパク質 S15P/S13E
1166	1096870	1096303	992508	991075	201	f-1		1096870	1098295	681	RecJ	L	一本鎖 DNA-特異的エキソヌク レアーゼ
1167	1098281	1098538	991097	990840	563	f-2		1098317	1098458	29	-	C	フィコシアニン α -サブユニット フィコシアニン/リノリナーゼ およ び 関連タンパク質
1168	1098554	1099156	990824	990222	564	f-2		1098614	1099148	310	RPS1A	J	リボソーム タンパク質 S3AE
1169	1099220	1099486	990158	989892	565	f-2		1099274	1099469	32	HtpG	O	分子シャペロン
1170	1099468	1099908	989910	989470	202	f-1		1099483	1099906	165	-	R	推定核酸結合 タンパク質
1171	1099954	1100991	989424	988387	203	f-1		1099954	1100962	527	-	S	チアミン合成 タンパク質 ThiI との保存ドメインを共有する 未同定タンパク質
1172	1101073	1101510	988305	987868	1274	r-1		1101076	1101448	136	-	S	推定膜タンパク質
1173	1101868	1102326	987510	987052	1273	r-1		1101886	1102324	133	Lrp	K	転写レギュレーター
1174	1102786	1103181	986592	986197	1272	r-1		1102795	1103179	136	ArsR	K	推定転写レギュレーター

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 84/151

1188	1120172	1120504	969206	968874	568	f-2	1120172	1120442	30	Lig	L	NAD-dependent DNA ligase (contains BRCT domain type II)	NAD依存性DNA リガーゼ (BRCT ドメイン 型 IIを含む)
1189	1120505	1121407	968873	967971	569	f-2	1120514	1121402	506	SUA7	K	Transcription initiation factor IIB	転写開始因子IIB
1190	1121408	1122520	967970	966858	1982	r-3	1121498	1122512	451	Exo	L	5'-3' exonuclease (including N-terminal domain of PolI)	5'-3' エキソヌクレアーゼ (PolI のN末端ドメインを含む)
1191	1122517	1123746	966861	965632	1269	r-1	1122544	1123741	591	MoeA	H	Molybdopterin biosynthesis enzyme	モリブドプテリン合成 酵素
1192	1123810	1124472	965568	964906	204	f-1	1123828	1124440	299	-	J	Predicted subunit of tRNA(5-methylaminomethyl -2-thiouridylate) methyltransferase	tRNA(5-メチルアミノメチル-2- チオウリジル酸) メチルトランス フェラーゼの推定サブユニット
1193	1124569	1125114	964809	964264	1268	r-1	1124614	1125112	284	ThiJ	R	Putative intracellular protease/amidase	推定 細胞内プロテアーゼ/アミ ダーゼ
1194	1125170	1125637	964208	963741	1981	r-3	1125197	1125635	194	Lrp	K	Transcriptional regulators	転写レギュレーター
1195	1125727	1126902	963651	962476	205	f-1	1125736	1126900	666	-	R	Predicted GTPase	推定GTPアーゼ
1196	1128262	1128495	961116	960883	1267	r-1	1128271	1128466	102	Upp	F	Uracil phosphoribosyltransferase	ウラシル ホスホリボシルトラン スフェラーゼ
1197	1128535	1128972	960843	960406	1266	r-1	1128544	1128967	233	Upp	F	Uracil phosphoribosyltransferase	ウラシル ホスホリボシルトラン スフェラーゼ
1198	1129034	1130476	960344	958902	1980	r-3	1129043	1130459	688	Norm	Q	Na ⁺ -driven multidrug efflux pump	Na ⁺ 駆動多剤エフラックスポンプ
1199	1130532	1131944	958846	957434	1660	r-2	1130547	1131936	587	Norm	Q	Na ⁺ -driven multidrug efflux pump	Na ⁺ 駆動多剤エフラックスポンプ
1200	1132006	1132422	957372	956956	1265	r-1	1132006	1132420	200	-	R	Predicted nucleic acid-binding protein	推定核酸結合 タンパク質

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 85/151

1201	1132432	1132659	956946	956719	1264	1-1	1132438	1132630	69	AbrB	K	Regulators of stationary/sporulation gene expression	定常期/孢子形成 のレギュレーター
1202	1132744	1135125	956634	954253	1263	1-1	1132753	1135042	1319	PasA	G	Phosphoenolpyruvate synthase/pyruvate phosphate dikinase	ホスホエノールピルビン酸 シンターゼ/ピルビン酸 リン酸 diキナーゼ
1203	1135154	1135213	954224	954165	570	1-2							
1204	1135255	1137741	954123	951637	1262	1-1	1136407	1136665	50	-	R	Uncharacterized membrane protein	未同定膜タンパク質
1205	1138634	1138867	950744	950511	571	1-2							
1206	1139159	1142494	950219	946884	572	1-2	1141529	1141982	35	SrmB	LK J	Superfamily II DNA and RNA helicases COG0513 SrmB	スーパーファミリー II DNA および RNA ヘリカーゼ COG0513 SrmB
1207	1142537	1142836	946841	946542	573	1-2	1142540	1142834	165	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1208	1142873	1144054	946505	945324	574	1-2	1142891	1144034	531	NMD3	J	NMD protein affecting ribosome stability and mRNA decay	リボソーム安定化および mRNA 分解に影響する NMD タンパク質
1209	1144054	1145121	945324	944257	206	1-1	1144054	1145044	228	-	C	Predicted butyrate kinase	推定酪酸キナーゼ
1210	1145177	1146514	944201	942864	575	1-2	1145180	1146512	743	HcaD	R	Uncharacterized NAD(FAD)-dependent dehydrogenases	未同定 NAD(FAD) 依存性デヒドログナーゼ
1211	1146553	1148040	942825	941338	207	1-1	1146592	1148029	539	Kch	P	Kef-type K ⁺ transport systems	Kef 型 K ⁺ 輸送系
1212	1148086	1149231	941292	940147	208	1-1	1148095	1149226	549	-	S	Uncharacterized ACR	未同定 ACR
1213	1150093	1151094	939285	938284	209	1-1	1150891	1151044	33	AsnB	E	Asparagine synthase (glutamine-hydrolyzing)	アスパラギン シンターゼ (グルタミン加水分解)
1214	1151091	1154534	938287	934844	1659	1-2	1152798	1154532	958	InfB	J	Translation initiation factor 2 (GTPase)	翻訳 開始因子 2 (GTPアーゼ)
1215	1155108	1155464	934270	933914	933	1-3	1155324	1155450	29	NhaB	P	Na ⁺ /H ⁺ antiporter	Na ⁺ /H ⁺ アンチポーター

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 86/151

1216	1155466	1155999	933912	933379	1261	r-1	1155487	1155940	256	Ndk	F	Nucleoside diphosphate kinase	ヌクレオシド ジリン酸 キナーゼ
1217	1157418	1157627	931960	931751	1658	r-2	1157424	1157625	136	RPL24A	J	Ribosomal protein L24E	リボソーム タンパク質 L24E
1218	1157624	1157836	931754	931542	1979	r-3	1157630	1157792	77	RPS28A	J	Ribosomal protein S28E/S33	リボソーム タンパク質 S28E/S33
1219	1157916	1158293	931462	931085	1657	r-2	1157922	1158291	226	RPL8A	J	Ribosomal protein HS6-type (S12/L30/L7a)	リボソーム タンパク質 HS6型 (S12/L30/L7a)
1220	1158361	1159554	931017	929824	1260	r-1	1158373	1159537	321	RAD55	T	RecA-superfamily ATPases implicated in signal transduction	RecA-スーパーファミリー ATPアーゼ、シグナル伝達に関与
1221	1159686	1160306	929692	929072	1656	r-2	1159695	1160295	277	-	S	Uncharacterized archaeal Zn-finger family	未同定古細菌Zn-フィンガーファミリー
1222	1161299	1161634	928079	927744	1978	r-3	1161314	1161596	128	-	R	Uncharacterized ATPases of the AAA superfamily	AAA スーパーファミリーの未同定ATPアーゼ
1223	1161690	1163606	927688	925772	1655	r-2	1162347	1163139	448	CysH	EH	3'-phosphoadenosine 5'-phosphosulfate sulfotransferase (PAPS reductase)/FAD synthetase and related enzymes	3'-ホスホアデニン 5'-ホスホ硫酸塩 スルホトランスフェラーゼ (PAPSレダクターゼ)/FAD シンターゼ および 関連酵素 COG0175 CysH
1224	1163703	1164656	925675	924722	934	r-3	1163775	1164561	466	HflC	O	Membrane protease subunits	膜プロテアーゼ サブユニット
1225	1164663	1165082	924715	924296	935	r-3	1164663	1165077	148	-	NO	Membrane protein implicated in regulation of membrane protease activity COG1585	膜タンパク質、膜プロテアーゼ活性の調節に関与 COG1585
1226	1165121	1165714	924257	923664	576	r-2	1165130	1165706	202	Tdk	F	Thymidine kinase	チミジン キナーゼ
1227	1165724	1165948	923654	923430	577	r-2	1165793	1165946	81	RPL39	J	Ribosomal protein L39E	リボソーム タンパク質 L39E
1228	1165959	1166231	923419	923147	936	r-3	1165959	1166217	136	RPL31A	J	Ribosomal protein L31E	リボソーム タンパク質 L31E

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 87/151

1229	1166259	1166948	923119	922430	937	f-3	1166259	1166943	329	TIF6	J	Eukaryotic translation initiation factor 6 (EIF6)	真核生物翻訳開始因子6 (EIF6)
1230	1167001	1167234	922377	922144	210	f-1	1167001	1167232	91	RPL20A	J	Ribosomal protein L20A (L18A)	リボソームタンパク質 L20A (L18A)
1231	1167503	1168657	921875	920721	1977	r-3	1167503	1168655	468	RfaG	M	Predicted glycosyltransferases	推定グリコシルトランスフェラーゼ
1232	1168678	1169472	920700	919906	1259	r-1	1168747	1169299	87	UbiA	H	4-hydroxybenzoate polyprenyltransferase	4-ヒドロキ安息香酸ポリプレニルトランスフェラーゼ
1233	1169576	1171024	919802	918354	1978	r-3	1169591	1170995	718	GltD	ER	NADPH-dependent glutamate synthase beta chain and related oxidoreductases COG0493 GltD	NADPH依存性グルタミン酸シンターゼ β 鎖 および関連オキシドレダクターゼ COG0493 GltD
1234	1171021	1171905	918357	917473	1258	r-1	1171021	1171894	441	UbiB	HC	2-polyprenylphenol hydroxylase and related flavodoxin oxidoreductases~ COG0543 UbiB	2-ポリプレニルフェノールヒドロキシラーゼ および関連フラボドキシンオキシドレダクターゼ~ COG0543 UbiB
1235	1172047	1172277	917331	917101	211	f-1	1172059	1172224	35	PotE	E	Amino acid transporters	アミノ酸トランスポーター
1236	1172264	1173025	917114	916353	1975	r-3	1172264	1173023	330	GOD14	J	Predicted SAM-dependent methyltransferase involved in tRNA-Met maturation	推定SAM依存性メチルトランスフェラーゼ、tRNA-Met 成熟に関与
1237	1173022	1173636	916356	915742	1257	r-1	1173112	1173265	32	NemA	C	NADH:flavin oxidoreductases	NADH:flavin オキシドレダクターゼ
1238	1173687	1174022	915691	915356	938	f-3	1173699	1173975	120	SEC85	N	Signal recognition particle 19 kDa protein	シグナル認識粒子 19 kDa タンパク質
1239	1174023	1174274	915355	915104	1654	r-2	1174041	1174227	47	Lrp	K	Transcriptional regulators	転写レギュレーター
1240	1174284	1174388	915094	914990	1653	r-2							
1241	1174493	1177870	914885	911508	578	f-2	1174493	1175486	467	-	R	Predicted helicases	推定ヘリカーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 88/151

1242	1178296	1178862	911082	910516	212	f-1	1178305	1178854	198	CoeE	H	Dephospho-CoA kinase	デホスホ-CoA キナーゼ
1243	1178840	1179322	910538	910056	579	f-2	1178906	1179320	232	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
1244	1179335	1180606	910043	908772	1974	f-3	1179335	1180583	409	NatB	C	ABC-type Na ⁺ efflux pump	ABC型Na ⁺ エフラックスポンプ
1245	1180603	1181361	908775	908017	1256	f-1	1180609	1181317	376	CcmA	Q	ABC-type multidrug transport system	ABC型多剤輸送系
1246	1181719	1181916	907859	907462	1255	f-1	1181776	1181914	82	-	K	Predicted transcriptional regulators	推定転写レギュレーター
1247	1182281	1182673	907097	906705	1973	f-3	1182308	1182527	32	CblM	H	Cobalamin biosynthesis protein CblM	コバラミン合成 タンパク質 CblM
1248	1182899	1183855	906479	905523	580	f-2	1183346	1183523	33	-	S	Uncharacterized BCR	未同定BCR
1249	1184435	1184731	904943	904647	1972	f-3	1184531	1184717	29	InfB	J	Translation initiation factor 2 (GTPase)	翻訳 開始因子2 (GTPアーゼ)
1250	1184832	1185752	904546	903626	1652	f-2	1185366	1185510	32	MurG	M	UDP-N-acetylglucosamine 6-phosphate N-acetylglucosamine transferase	UDP-N-アセチルグルコサミン 6-リン酸 N-アセチルグルコサミン トランスフェラーゼ
1251	1186284	1186524	903114	902854	1254	f-1	-	-	-	-	-	-	-
1252	1187372	1187653	902006	901725	1971	f-3	-	-	-	-	-	-	-
1253	1188250	1188906	901128	900472	1253	f-1	1188304	1188649	36	GyrA	L	DNA gyrase (topoisomerase II) A subunit	DNA ギラーゼ (トポイソメラーゼ II) A サブユニット
1254	1188962	1189906	900416	899472	1970	f-3	1188983	1189385	35	GcvP	E	Glycine cleavage system protein P (pyridoxal-binding)	グリシン切断系タンパク質 P (ピリドキサル結合)
1255	1189940	1190062	899438	899316	1969	f-3	1190009	1190057	26	MalF	G	ABC-type sugar transport systems	ABC型糖 輸送系
1256	1191309	1191941	898069	897437	1651	f-2	1191474	1191585	29	MalK	G	ABC-type sugar/spermidine/putrescine/iron/thiamine transport systems	ABC型糖/スベルミジン/プトレシン/鉄/チアミン 輸送系
1257	1195773	1195841	893605	893537	939	f-3	-	-	-	-	-	-	-

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 89/151

1258	1196421	1196939	892957	892439	1650	r-2	1196724	1196871	33	Gmk	F	Guanylate kinase	Guanylate キナーゼ
1259	1197121	1197330	892257	892048	1252	r-1	1197211	1197322	30	FecB	P	ABC-type Fe3+-siderophores transport systems	ABC型Fe3+-ジヒドロフロア輸送系
1260	1197327	1197827	892051	891551	1649	r-2	1197598	1197801	31	UvrA	L	Exonuclease ATPase subunit	エキヌクレアーゼ ATPアーゼサブユニット
1261	1197859	1198116	891519	891262	1251	r-1	1197958	1198078	26	-	T	SH3 domain protein	SH3 ドメイン タンパク質
1262	1198129	1198395	891249	890983	1250	r-1	1198141	1198300	30	AlkA	L	3-Methyladenine DNA glycosylase	3-メチルアデニン DNA グリコシラーゼ
1263	1198775	1198969	890603	890409	581	r-2	1198808	1198907	33	AbrB	K	Regulators of stationary/spore gene expression	定常期/胞子形成 遺伝子発現のレギュレーター
1264	1199210	1199536	890168	889842	1968	r-3	1199303	1199522	31	Smc	D	Chromosome segregation ATPases	染色体分離ATPアーゼ
1265	1200465	1200542	888913	888836	940	r-3							
1266	1202741	1204258	886637	885120	1967	r-3	1202750	1204256	910	GcvP	E	Glycine cleavage system protein P (pyridoxal-binding)	グリシン切断系タンパク質 P (ピリドキサル結合)
1267	1204260	1205624	885118	883754	1648	r-2	1204269	1205598	727	GcvP	E	Glycine cleavage system protein P (pyridoxal-binding)	グリシン切断系タンパク質 P (ピリドキサル結合)
1268	1205780	1207075	883598	882303	1966	r-3	1206086	1206206	32	Flil	N	Flagellar biosynthesis/type III secretory pathway ATPase	鞭毛生成成/型 III 分泌経路 ATPアーゼ
1269	1207362	1207793	882016	881585	941	r-3	1207452	1207662	32	PorG	C	Pyruvate:ferredoxin oxidoreductase and related 2-oxoacid:ferredoxin oxidoreductases	ピルビン酸:フェレドキシンオキシドレダクターゼおよび 関連2-オキソ酸:フェレドキシンオキシドレダクターゼ
1270	1207790	1208482	881588	880896	582	r-2	1207790	1208444	312	-	R	Predicted hydrolases of the HAD superfamily	HAD スーパーファミリーの推定ヒドロラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 90/151

1271	1209464	1210141	879914	879237	583	f-2	1209512	1210130	239	-	R	Predicted IOC-like phosphoesterases	推定IOC様ホスホエステラーゼ
1272	1210174	1210893	879204	878485	213	f-1	1210189	1210885	275	-	S	Uncharacterized membrane protein	未同定膜タンパク質
1273	1210890	1211111	878488	878267	942	f-3	1210890	1211058	33	Smc	D	Chromosome segregation ATPases	染色体分離ATPアーゼ
1274	1211128	1211787	878250	877591	214	f-1	1211251	1211392	33	XerC	L	Integrase	インテグラーゼ
1275	1211850	1212755	877528	876623	943	f-3	1211949	1212030	33	FecB	P	ABC-type Fe3+-siderophores transport systems	ABC型Fe3+-シンデロフロア輸送系
1276	1212760	1213104	876618	876274	1249	f-1	1212775	1212850	36	NuoG	C	NADH dehydrogenase/NADH:ubiquinol none oxidoreductase 75 kD subunit (chain G)	NADH デヒドロゲナーゼ /NADH:ユビキノキソジレクタターゼ75 kD サブユニット (鎖 G)
1277	1213101	1214369	876277	875009	1647	f-2	1213137	1214364	572	HcdD	R	Uncharacterized NAD(FAD)-dependent dehydrogenases	未同定NAD(FAD)依存性デヒドロゲナーゼ
1278	1214366	1215214	875012	874164	1965	f-3	1214366	1215206	475	-	R	Predicted dehydrogenase	推定デヒドロゲナーゼ
1279	1215250	1215861	874128	873517	1248	f-1	1215259	1215793	272	-	R	Predicted dehydrogenase	推定デヒドロゲナーゼ
1280	1217374	1217490	872004	871888	215	f-1	1217374	1217461	26	-	R	CBS domains	CBS ドメイン
1281	1219074	1219190	870304	870188	944	f-3	-	-	-	-	-	-	-
1282	1219197	1220690	870181	868688	1646	f-2	1219197	1220676	790	GlpK	C	Glycerol kinase	グリセロール キナーゼ
1283	1220740	1221513	868638	867865	1247	f-1	1220767	1221511	387	UgpQ	C	Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase	グリセロホスホリルジエステテルホスホジエステラーゼ
1284	1221503	1222201	867875	867177	1964	f-3	1221509	1222124	92	UgpQ	C	Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase	グリセロホスホリルジエステテルホスホジエステラーゼ
1285	1222282	1223655	867096	865723	216	f-1	1222297	1223653	582	-	-	-	-
1286	1223758	1225113	865620	864265	217	f-1	1223821	1225096	605	-	-	-	-

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 91/151

1287	1225113	1225991	864265	863387	945	F-3	1225179	1225965	379	-	R	Hydrolases of the alpha/beta superfamily	α/β スーパーファミリーのヒドローラーゼ
1288	1226169	1228861	863209	862517	946	F-3	1226217	1226835	187	-	R	Predicted deacetylase	推定デアセチラーゼ
1289	1227076	1227702	862302	861676	1246	F-1	1227098	1227691	290	Tmk	F	Thymidylate kinase	チミジル酸 キナーゼ
1290	1227756	1228466	861622	860912	1645	F-2	1227756	1228449	365	CpsG	G	Phosphomannomutase	ホスホマンノムターゼ
1291	1228622	1230493	860756	858885	584	F-2	1228631	1230482	1088	PckA	C	Phosphoenolpyruvate carboxykinase (GTP)	ホスホエノールピルビン酸 カルボキシキナーゼ (GTP)
1292	1230680	1233081	858798	856297	218	F-1	1230592	1233058	1177	GlgP	G	Glucan phosphorylase	グルカン ホスホリラーゼ
1293	1233236	1234546	856142	854832	585	F-2	1233818	1234340	44	-	R	Na ⁺ -dependent transporters of the SNF family	SNF ファミリーのNa ⁺ 依存性トランスポーター
1294	1234563	1236284	854815	853094	1644	F-2	1234569	1236282	931	GlnS	J	Glutamyl- and glutamyl-tRNA synthetases	グルタミル- および グルタミル-tRNA シンセターゼ
1295	1236584	1237978	852794	851400	1963	F-3	1236584	1237964	630	DnaG	L	DNA primase (bacterial type)	DNA プライマーゼ (細菌型)
1296	1237975	1238376	851403	851002	1245	F-1	1237975	1238371	177	-	L	Small primase-like proteins (Toprim domain)	スモールプライマーゼ様タンパク質 (Toprim ドメイン)
1297	1238433	1239707	850945	849671	1643	F-2	1238439	1239702	677	-	C	Fe-S oxidoreductases family 2	Fe-S オキシドレダクターゼ ファミリー 2
1298	1239791	1239994	849587	849384	1962	F-3	1239791	1239992	92	HHT1	L	Histones H3 and H4 (Histon A&B)	ヒストンH3 および H4(ヒストンAおよびB)
1299	1240125	1240214	849253	849164	947	F-3							
1300	1240801	1240896	848577	848482	1244	F-1							
1301	1241592	1241921	847786	847457	1642	F-2	1241601	1241769	98	RPPIA	J	Ribosomal protein L12E/L44/L45/RPP1/RPP2	リボソーム タンパク質 L12E/L44/L45/RPP1/RPP2
1302	1241983	1243014	847395	846364	1243	F-1	1241992	1243009	402	RplJ	J	Ribosomal protein L10	リボソーム タンパク質 L10
1303	1243011	1243661	846367	845717	1641	F-2	1243011	1243656	327	RplA	J	Ribosomal protein L1	リボソーム タンパク質 L1
1304	1243692	1243778	845686	845600	1640	F-2							
1305	1243775	1244272	845603	845106	1961	F-3	1243781	1244264	223	RplK	J	Ribosomal protein L11	リボソーム タンパク質 L11

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 92/151

1306	1244307	1244765	845071	844813	1639	┌-2	1244316	1244763	257	NusG	K	Transcription antiterminator	転写アンチターミネーター
1307	1244788	1244973	844590	844405	1242	┌-1	1244788	1244893	49	SssI	N	Protein translocase subunit SssI	タンパク質 トランスロカーゼ サブユニット SssI
1308	1245004	1246125	844374	843253	1241	┌-1	1245004	1246123	536	FtsZ	D	Cell division GTPase	細胞分裂 GTPアーゼ
1309	1246241	1247059	843137	842319	1960	┌-3	1246241	1247057	446	-	S	Uncharacterized ArOR	未特定ArOR
1310	1247369	1248709	842009	840669	1959	┌-3	1247567	1248584	105	FucI	G	L-fucose isomerase and related proteins	L-フコース イソメラーゼ および 関連タンパク質
1311	1248621	1249226	840757	840152	948	┌-3	1248630	1249179	314	-	S	Uncharacterized ACR	未特定ACR
1312	1250499	1251188	838879	838190	1638	┌-2	1250499	1251186	333	RpiA	G	Ribose 5-phosphate isomerase	リボース 5-リン酸 イソメラーゼ
1313	1251193	1251561	838185	837817	1240	┌-1	1251223	1251379	29	SUL1	P	Sulfate permease and related transporters (MFS superfamily)	硫酸塩 パーミアアーゼ および 関連トランスポーター(MFS スーパーファミリー)
1314	1251632	1253578	837746	835800	1958	┌-3	1251632	1253576	1146	-	R	Predicted metal-dependent RNase	推定金属依存性RNアーゼ
1315	1253588	1253788	835790	835590	1957	┌-3	1253588	1253750	74	HsIV	O	Protease subunit	プロテアソーム プロテアーゼ サブユニット
1316	1254304	1255470	835074	833908	219	┌-1	1254304	1254742	37	AdkA	F	Archaeal adenylyate kinase	古細菌アデニル酸キナーゼ
1317	1255582	1256436	833796	832942	1239	┌-1	1255594	1256431	481	GdhA	E	Glutamate dehydrogenase/leucine dehydrogenase	グルタミン酸デヒドロゲナーゼ/ロイシン デヒドロゲナーゼ
1318	1256379	1256846	832999	832532	1637	┌-2	1256379	1256808	256	GdhA	E	Glutamate dehydrogenase/leucine dehydrogenase	グルタミン酸デヒドロゲナーゼ/ロイシン デヒドロゲナーゼ
1319	1257402	1258961	831976	830417	949	┌-3	1257411	1258956	828	-	R	Na ⁺ -dependent transporters of the SNF family	Na ⁺ 依存性トランスポーター-of the SNF ファミリー
1320	1258972	1259079	830406	830299	220	┌-1	1258972	1259038	26	SurA	O	Parvulin-like peptidyl-prolyl isomerase	パルブリン様ペプチジルプロリル イソメラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 93/151

1321	1259124	1259858	830254	829520	950	f-3	1259490	1259712	33	SgaT	S	Uncharacterized BCR	未同定BCR
1322	1259855	1260172	829523	829206	1956	f-3	1259855	1260143	100	GlnK	E	Nitrogen regulatory protein PII	窒素 レギュレータータンパク質 PII
1323	1260229	1262256	829149	827122	1238	f-1	1260229	1261816	720	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1324	1262388	1262651	826990	826727	951	f-3							
1325	1262709	1264661	826669	824717	952	f-3	1262709	1264623	880	-	K	Predicted RNA-binding protein homologous to eukaryotic snRNP	真核生物snRNPに相同な推定 RNA結合 タンパク質
1326	1264658	1265074	824720	824304	1955	f-3	1264658	1265072	231	NikR	K	Predicted transcriptional regulators containing the CopG/Arc/MetJ DNA-binding domain and a metal-binding domain	CopG/Arc/MetJ DNA結合 ドメイン および金属結合 ドメインを含む推定転写レギュレーター
1327	1265145	1265591	824233	823787	953	f-3	1265307	1265409	29	HsdR	L	Restriction enzymes type I helicase subunits and related helicases	制限酵素型ヘリカーゼ サブユニット および 関連ヘリカーゼ
1328	1265593	1266390	823785	822988	221	f-1	1266082	1266259	31	UgpB	G	Sugar-binding periplasmic proteins/domains	糖結合 ペリプラスムタンパク質 /ドメイン
1329	1266750	1267955	822828	821423	954	f-3	1266750	1267941	638	-	R	Predicted alternative tryptophan synthase beta-subunit (paralog of TrpB)	推定代替トリプトファンシンターゼ β -サブユニット (TrpBのパラログ)
1330	1268130	1269137	821248	820241	1636	f-2	1268130	1269132	523	Asd	E	Aspartate-semialdehyde dehydrogenase	アスパラギン酸-セミアルデヒドデヒドロゲナーゼ
1331	1269155	1270042	820223	819336	1954	f-3	1269167	1270037	312	ThrB	E	Homoserine kinase	ホモセリン キナーゼ
1332	1270062	1271162	819316	818216	1635	f-2	1270083	1271085	242	LysC	E	Aspartokinases	アスパルトキナーゼ
1333	1271162	1272181	818216	817197	1953	f-3	1271171	1272170	567	MetE	E	Methionine synthase II (cobalamin-independent)	メチオニン シンターゼ II (コバリン非依存性)

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 94/151

1334	1272174	1273103	817204	816275	1634	r-2	1272174	1273068	462	MetE	E	Methionine synthase II (cobalamin-independent)	メチオニン シンターゼ II (コバ ラミン非依存性)
1335	1273100	1274158	816278	815220	1952	r-3	1273109	1274144	296	MetF	E	5	5
1336	1274151	1275281	815227	814097	1633	r-2	1274154	1275270	484	MetC	E	Cystathionine beta-lyases/cystathionine gamma-synthases	シスタチオニン β-リアーゼ/シ スタチオニン γ-シンターゼ
1337	1275461	1276135	813917	813243	1951	r-3	1275509	1276133	239	-	J	Ribonuclease P subunit Rpp30	リボヌクレアーゼ P サブユニッ ト Rpp30
1338	1276120	1276689	813258	812689	1237	r-1	1276240	1276684	210	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1339	1276727	1278301	812651	811077	1950	r-3	1276892	1278245	140	MdIB	Q	ABC-type multidrug/protein/lipid transport system	ABC型多重薬剤/タンパク質/ 脂質 輸送系
1340	1278636	1279535	810742	809843	1632	r-2	1279008	1279143	32	LivG	E	ABC-type branched-chain amino acid transport systems	ABC型分岐鎖 アミノ酸輸送系
1341	1279958	1280587	809420	808791	1949	r-3	1279958	1280585	320	RPL15A	J	Ribosomal protein L15E	リボソーム タンパク質 L15E
1342	1280661	1281740	808717	807638	955	f-3	1280670	1281729	544	PepP	E	Xaa-Pro aminopeptidase	Xaa-Pro アミノペプチダーゼ
1343	1281804	1282397	807574	806981	1631	r-2	1281804	1282355	295	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1344	1282384	1283034	806994	806344	1236	r-1	1282417	1283032	320	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1345	1283055	1284251	806323	805127	1630	r-2	1283205	1284249	291	-	P	Permease	パーミアーゼ
1346	1284867	1285869	804711	803509	222	f-1	1285024	1285702	45	-	S	Uncharacterized archaeal coiled-coil domain	未同定古細菌コイルドコイルド メイン
1347	1285975	1289823	803403	799555	223	f-1	1288144	1289155	166	-	L	Type II restriction enzyme	型 II 制限酵素
1348	1290019	1292922	799359	798456	224	f-1	1290019	1292920	1723	LeuS	J	Leucyl-tRNA synthetase	ロイシル-tRNA シンセターゼ
1349	1293396	1293860	795982	795518	1629	r-2	1293806	1293774	30	ErrK	S	Uncharacterized BCR	未同定BCR
1350	1294892	1295722	794486	793656	586	f-2	1295033	1295336	44	SmtA	QR	SAM-dependent methyltransferases	SAM依存性メチルトランスフェラ ーゼCOQ0500 SmtA

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明

																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					</
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	----

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 96/151

1362	1306665	1307039	782713	782339	1624	1624	1306704	1307028	107	-	R	Predicted nucleotidyltransferases	推定ヌクレオチジルトランスフェ ラーゼ
1363	1307076	1307963	782302	781415	1623	1623	1307088	1307961	485	-	R	Predicted dioxigenase	推定ジオキシゲナーゼ
1364	1307989	1309053	781389	780325	1232	1232	1307989	1309027	408	ThrC	E	Threonine synthase	スレオニン シンターゼ
1365	1309106	1309948	780272	779430	587	587	1309133	1309940	284	Udp	F	Uridine phosphorylase	ウリジン ホスホリラーゼ
1366	1309950	1311020	779428	778358	958	958	1310843	1311006	36	-	S	Uncharacterized archaeal coiled-coil domain	未同定古細菌コイルドコイルド メイン
1367	1311965	1313317	777413	776061	1946	1946	1311974	1313285	489	HcaD	R	Uncharacterized NAD(FAD)-dependent dehydrogenases	未同定NAD(FAD)依存性デヒド ロゲナーゼ
1368	1313412	1314224	775966	775154	1622	1622	1313421	1314216	415	Pnp	F	Purine nucleoside phosphorylase	プリンヌクレオシド ホスホリラー ゼ
1369	1315661	1315879	773717	773499	1945	1945	1315679	1315763	29	PrmA	J	Ribosomal protein L11 methylase	リボソーム タンパク質 L11 メ チラーゼ
1370	1316041	1316151	773337	773227	1231	1231							
1371	1316410	1317765	772968	771613	225	225	1316419	1317742	693	Ffh	N	Signal recognition particle GTPase	シグナル 認識粒子 GTPア ゼ
1372	1317762	1318001	771616	771377	959	959	1317765	1317993	95	Lrp	K	Transcriptional regulators	転写レギュレーター
1373	1317998	1318528	771380	770850	588	588	1318004	1318424	189	-	R	Predicted Fe-S-cluster oxidoreductase	推定Fe-S-クラスター オキシド レダクターゼ
1374	1318585	1319298	770793	770080	226	226	1318585	1319296	316	Apt	F	Adenine/guanine phosphoribosyltransferases and related PRPP-binding proteins	アデニン/グアニンホスホリボシ ルトランスフェラーゼおよび 関 連PRPP結合 タンパク質
1375	1319308	1319637	770070	769741	227	227	1319491	1319608	29	SmbB	LK J	Superfamily II DNA and RNA helicases COG0513 SmbB	スーパーファミリー II DNA およ び RNA ヘリカーゼ COG0513 SmbB
1376	1319620	1320078	769758	769300	1230	1230	1319629	1320064	179	Lrp	K	Transcriptional regulators	転写レギュレーター

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 97/151

1377	1321326	1322096	768052	767282	960	f-3	1321335	1322010	346	ApahH	T	Diadenosine tetraphosphatase and related serine/threonine protein phosphatases	ジアデニン tetraホスファターゼ および 関連セリン/スレオニン タンパク質 ホスファターゼ
1378	1322102	1322401	767276	766977	1944	f-3	1322102	1322399	150	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1379	1322840	1323004	766538	766374	1943	f-3	1322849	1323002	105	RPL40A	J	Ribosomal protein L40E	リボソーム タンパク質 L40E
1380	1323183	1323788	766195	765590	1621	f-2	1323186	1323783	368	RpsB	J	Ribosomal protein S2	リボソーム タンパク質 S2
1381	1323802	1324827	765576	764551	1229	f-1	1323802	1324822	474	Eno	G	Enolase	エノラーゼ
1382	1325139	1325336	764239	764042	1620	f-2	1325139	1325334	122	RPB10	K	DNA-directed RNA polymerase	DNA指向性RNA ポリメラーゼ
1383	1325369	1325800	764009	763578	1942	f-3	1325393	1325798	217	RpsI	J	Ribosomal protein S9	リボソーム タンパク質 S9
1384	1325787	1326215	763591	763163	1619	f-2	1325787	1326213	254	RplM	J	Ribosomal protein L13	リボソーム タンパク質 L13
1385	1326222	1326593	763156	762785	1618	f-2	1326231	1326591	187	RPL18A	J	Ribosomal protein L18E	リボソーム タンパク質 L18E
1386	1326738	1327526	762640	761852	1617	f-2	1326747	1327521	411	RpoA	K	DNA-directed RNA polymerase alpha subunit/40 kD subunit	DNA指向性RNA ポリメラーゼ α サブユニット/40 kD サブユニット
1387	1327548	1327970	761830	761408	1616	f-2	1327548	1327944	188	RpsK	J	Ribosomal protein S11	リボソーム タンパク質 S11
1388	1327967	1328509	761411	760869	1941	f-3	1327967	1328507	239	RpsD	J	Ribosomal protein S4 and related proteins	リボソーム タンパク質 S4 および 関連タンパク質
1389	1328520	1329077	760858	760301	1615	f-2	1328837	1329075	235	RpsM	J	Ribosomal protein S13	リボソーム タンパク質 S13
1390	1329084	1329671	760294	759707	1614	f-2	1329084	1329669	327	RsmC	J	16S RNA G1207 methylase RsmC	16S RNA G1207 メチラーゼ RsmC
1391	1330058	1330213	759320	759165	589	f-2							
1392	1330540	1331565	758838	757813	1228	f-1	1330549	1331551	632	TruB	J	Pseudouridine synthase	プソイドウリジン シンターゼ
1393	1331777	1332007	757601	757371	1940	f-3	1331810	1331987	40	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1394	1332043	1332753	757335	756625	1227	f-1	1332094	1332751	201	FabG	QR	Dehydrogenases with different specificities (related to short-chain alcohol dehydrogenases)	異なる特異性を有するデヒドロゲナーゼ(関連to 短鎖アルコールデヒドロゲナーゼ) COG1028 FabG

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 101/151

1445	1372322	1373752	717056	715626	593	f-2	1372358	1372637	32	PheS	J	Phenylalanyl-tRNA synthetase alpha subunit	フェニルアラニル-tRNA ターゼ α サブユニット
1446	1373902	1376664	715476	712714	231	f-1	1373911	1376659	1504	AlaS	J	Alanyl-tRNA synthetase	アラニル-tRNA シンセターゼ
1447	1376921	1378402	712457	710976	594	f-2	1376936	1378388	653	PutP	EH R	Na ⁺ /proline	Na ⁺ /プロリン
1448	1378470	1379534	710908	709844	1601	f-2	1378470	1379532	568	EutG	C	Alcohol dehydrogenase IV	アルコールデヒドロゲナーゼ IV
1449	1379649	1380014	709729	709364	965	f-3	1379802	1379913	28	HemB	H	Delta-aminolevulinic acid dehydratase	Δ -アミノレブリン酸デヒドロラーゼ
1450	1379981	1380445	709397	708933	1921	f-3	1380098	1380248	33	FlgH	N	Flagellar basal body L-ring protein	鞭毛 基底小体 L-環 タンパク質
1451	1380532	1381284	708846	708094	1216	f-1	1380532	1381279	332	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1452	1381281	1382687	708097	706691	1600	f-2	1381296	1382565	209	-	R	Predicted ATPase of the AAA superfamily	AAA スーパーファミリーの推定 ATPアーゼ
1453	1382767	1384572	706611	704806	232	f-1	1382809	1384570	1039	ELP3	K	ELP3 component of the RNA polymerase II complex	RNA ポリメラーゼII 複合体の ELP3 成分
1454	1384569	1385354	704809	704024	1599	f-2	1385043	1385295	44	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1455	1385351	1385914	704027	703464	1920	f-3	1385360	1385834	101	HdeD	S	Uncharacterized BCR	未同定BCR
1456	1386061	1387578	703317	701800	1215	f-1	1386079	1387129	150	-	S	Predicted membrane protein	推定膜タンパク質
1457	1387922	1388011	701456	701367	595	f-2							
1458	1388004	1389050	701374	700328	1598	f-2	1388016	1388826	96	NosY	R	ABC-type transport system involved in multi-copper enzyme maturation	ABC型輸送系、多重銅酵素 成熟に関与
1459	1388485	1388589	700893	700789	233	f-1	1388485	1388584	26	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
1460	1389047	1389982	700331	699396	1919	f-3	1389059	1389962	268	CcmA	Q	ABC-type multidrug transport system	ABC型多剤輸送系
1461	1390108	1390617	699270	698761	234	f-1	1390108	1390498	229	-	R	Predicted Fe-S-cluster oxidoreductase	推定Fe-S-クラスター オキシドレダクターゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 102/151

1462	1390656	1391165	698722	698213	966	f-3	1390668	1391157	246	NIP7	J	Protein involved in ribosomal biogenesis	リボソーム 合成に関与するタンパク質
1463	1391397	1391669	697981	697709	967	f-3	1391445	1391511	28	GloB	R	Zn-dependent hydrolases	Zn依存性ヒドロラーゼ
1464	1393980	1394540	695398	694838	968	f-3	1393980	1394523	160	CcmA	Q	ABC-type multidrug transport system	ABC型多剤輸送系
1465	1396169	1396951	693209	692427	596	f-2	1396205	1396946	461	RAD55	T	RecA-superfamily ATPases implicated in signal transduction	RecA-スーパーファミリー ATPアーゼ、シグナル伝達に関連
1466	1396965	1397522	692413	691856	969	f-3	1396977	1397328	206	-	K	Predicted transcriptional regulators	推定転写レギュレーター
1467	1397528	1397968	691850	691410	1918	f-3	1397546	1397951	245	SpeD	E	S-adenosylmethionine decarboxylase	S-アデノシルメチオニンデカルボキシラーゼ
1468	1398271	1399176	691107	690202	235	f-1	1398328	1399144	272	SecF	N	Preprotein translocase subunit SecF	Preタンパク質 トランスロカーゼサブユニット SecF
1469	1399173	1400693	690205	688685	970	f-3	1399188	1400673	452	SecD	N	Preprotein translocase subunit SecD	Preタンパク質 トランスロカーゼサブユニット SecD
1470	1400690	1401382	688688	687996	597	f-2	1400693	1401374	330	TrkA	P	K ⁺ transport systems	K ⁺ 輸送系
1471	1401502	1401813	687876	687565	236	f-1	1401502	1401802	62	NtpF	C	Archaeal/vacuolar-type H ⁺ -ATPase subunit H	古細菌/液胞型H ⁺ -ATPアーゼサブユニット H
1472	1401815	1403806	687563	685572	598	f-2	1401815	1403789	681	NtpI	C	Archaeal/vacuolar-type H ⁺ -ATPase subunit I	古細菌/液胞型H ⁺ -ATPアーゼサブユニット I
1473	1403824	1404309	685554	685069	237	f-1	1403824	1404286	171	AtpE	C	F0F1-type ATP synthase c subunit/Archaeal/vacuolar-type H ⁺ -ATPase subunit K	F0F1型ATP シンターゼ c サブユニット/古細菌/液胞型H ⁺ -ATPアーゼサブユニット K
1474	1404349	1404960	685029	684418	238	f-1	1404349	1404958	186	NtpE	C	Archaeal/vacuolar-type H ⁺ -ATPase subunit E	古細菌/液胞型H ⁺ -ATPアーゼサブユニット E

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 103/151

1475	1404857	1406060	684421	683318	971	F-3	1404884	1406046	407	NtpC	C	Archaeal/vacuolar-type H ⁺ -ATPase subunit C	古細菌/液胞型H ⁺ -ATPアーゼ サブユニット C
1476	1406057	1408365	683321	683013	599	F-2	1406057	1408360	146	NtpG	C	Archaeal/vacuolar-type H ⁺ -ATPase subunit F	古細菌/液胞型H ⁺ -ATPアーゼ サブユニット F
1477	1406372	1407382	683006	681996	600	F-2	1406372	1407344	399	NtpA	C	Archaeal/vacuolar-type H ⁺ -ATPase subunit A	古細菌/液胞型H ⁺ -ATPアーゼ サブユニット A
1478	1407475	1408257	681903	681121	239	F-1	1407475	1408255	481	NtpA	C	Archaeal/vacuolar-type H ⁺ -ATPase subunit A	古細菌/液胞型H ⁺ -ATPアーゼ サブユニット A
1479	1408254	1409654	681124	679724	972	F-3	1408257	1409646	864	NtpB	C	Archaeal/vacuolar-type H ⁺ -ATPase subunit B	古細菌/液胞型H ⁺ -ATPアーゼ サブユニット B
1480	1409674	1410327	679704	679051	240	F-1	1409683	1410316	318	NtpD	C	Archaeal/vacuolar-type H ⁺ -ATPase subunit D	古細菌/液胞型H ⁺ -ATPアーゼ サブユニット D
1481	1410413	1411189	678965	678189	601	F-2	1410422	1411187	442	-	C	Uncharacterized flavoproteins	未同定フラビンタンパク質
1482	1411199	1411954	678179	677424	602	F-2	1411199	1411943	322	Tar	N	Methyl-accepting chemotaxis protein	メチル受容化学走性タンパク 質
1483	1411938	1413167	677440	676211	973	F-3	1411947	1413159	442	-	R	Predicted metal-dependent hydrolases related to alanyl-tRNA synthetase HxxxH domain	推定金属依存性ヒドロラーゼ、 アラニル-tRNA シンターゼ HxxxH ドメインに関連
1484	1413235	1413960	676143	675418	241	F-1	1413274	1413763	34	MetC	E	Cystathionine beta-lyases/cystathionine gamma-synthases	シスタチオニン β-リアーゼ/シ スタチオニン γ-シンターゼ
1485	1413935	1414642	675443	674736	603	F-2	1414058	1414295	30	AsnB	E	Asparagine synthase (glutamine-hydrolyzing)	アスパラギン シンターゼ (グル タミン加水分解)
1486	1414943	1415797	674435	673581	604	F-2	1414952	1415792	507	-	R	Predicted metal-dependent hydrolases of the urease superfamily	ウレアーゼスーパーファミリー の推定金属依存性ヒドロラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 104/151

1487	1415800	1418658	673578	670720	1214	f-1	1416094	1417195	315	GltD	ER	NADPH-dependent glutamate synthase beta chain and related oxidoreductases COG0493 GltD	NADPH依存性グルタミン酸シン ターゼ β 鎖 および 関連オキ シドレダクターゼ COG0493 GltD
1488	1418655	1420457	670723	668921	1597	f-2	1418700	1420224	632	NuoF	C	NADH:ubiquinone oxidoreductase	NADH:ユビキノン オキシドレダ クターゼ
1489	1420450	1420923	668928	668455	1213	f-1	1420489	1420888	150	NuoE	C	NADH:ubiquinone oxidoreductase 24 kD subunit	NADH:ユビキノオキシドレダク ターゼ24 kD サブユニット
1490	1421049	1422080	668329	667298	1596	f-2	1421058	1422069	493	RCL1	K	RNA phosphate cyclase	RNA リン酸 シクラーゼ
1491	1422217	1422759	667161	666619	242	f-1	1422355	1422448	30	SbcC	L	ATPase involved in DNA repair	DNA修復に関与するATPアー ゼ
1492	1422740	1423594	666638	665784	1917	f-3	1423205	1423340	35	LysC	E	Aspartokinases	アスパルトキナーゼ
1493	1423617	1424129	665761	665249	1595	f-2	1423617	1424127	233	-	R	Predicted phosphoesterase	推定ホスホエステラーゼ
1494	1424266	1424787	665112	664591	243	f-1	1424407	1424518	30	-	R	Uncharacterized CBS domain-containing proteins	未同定CBS ドメイン含有 タン パク質
1495	1424787	1428260	664591	661118	974	f-3	1424787	1425792	442	MCM2	L	Predicted ATPase involved in replication control	推定ATPアーゼ、複製制御に 関与
1496	1428306	1428734	661072	660644	975	f-3	1428315	1428732	250	GCD7	J	Translation initiation factor eIF-2	翻訳 開始因子eIF-2
1497	1428942	1430410	660536	658968	605	f-2	1429613	1430408	486	AccA	I	Acetyl-CoA carboxylase alpha subunit	アセチル-CoA カルボキシラー ゼ α サブユニット
1498	1430421	1430807	658957	658571	976	f-3	1430433	1430790	52	OadG	C	Na ⁺ -transporting methylmalonyl-CoA/oxalac etate decarboxylase	Na ⁺ 輸送メチルマロニル-CoA/ オキサロ酢酸デカルボキシラー ゼ
1499	1430801	1431283	658577	658095	606	f-2	1430876	1431281	129	AccB	I	Biotin carboxyl carrier protein	ビオチン カルボキシル キャリ ア タンパク質

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 105/151

1500	1431290	1432483	658088	656895	607	F-2	1431302	1432481	628	OadB	C	Na ⁺ -transporting methylmalonyl-CoA/oxaloacetate decarboxylase	Na ⁺ 輸送メチルマロニル-CoA/オキサロ酢酸デカルボキシラーゼ
1501	1432547	1433398	656831	655980	608	F-2	1432556	1433390	422	-	R	CBS domains	CBS ドメイン
1502	1433432	1434445	655946	654933	609	F-2	1433447	1434437	291	ThrA	E	Homoserine dehydrogenase	ホモセリン デヒドロゲナーゼ
1503	1434874	1435398	654504	653980	244	F-1	1434985	1435246	33	-	T	Periplasmic ligand-binding sensor domain	ペリプラスムリガおよび結合 センサドメイン
1504	1435395	1436108	653983	653270	1594	F-2	1435434	1436022	315	-	R	C4-type Zn finger	C4型 Zn フィンガー
1505	1436180	1436593	653198	652785	1916	F-3	1436180	1436591	124	-	S	Uncharacterized ACR	未同定 ACR
1506	1436645	1436935	652733	652443	1915	F-3	1436774	1436900	31	-	S	Predicted membrane protein	推定膜タンパク質
1507	1436958	1437776	652420	651602	1593	F-2	1436958	1437774	418	-	J	RNAse PH-related exoribonuclease	RNAse PH-関連エキソリボヌクレアーゼ
1508	1437769	1438527	651609	650851	1212	F-1	1437778	1438525	467	Rph	J	RNAse PH	RNAse PH
1509	1438502	1439275	650876	650103	1914	F-3	1438502	1439237	411	RRP4	J	RNA-binding protein Rrp4 and related proteins (contain S1 domain and KH domain)	RNA結合 タンパク質 Rrp4 および 関連タンパク質 (S1 ドメイン および KH ドメインを含む)
1510	1439272	1439982	650106	649396	1211	F-1	1439272	1439980	424	-	S	Uncharacterized ACR	未同定 ACR
1511	1439994	1440776	649384	648602	1592	F-2	1439994	1440774	389	HalV	O	Proteasome protease subunit	プロテアソーム プロテアーゼサブユニット
1512	1441115	1441582	648263	647796	610	F-2	1441115	1441553	219	Hlt	FG R	Diadenosine tetraphosphate (Ap4A) hydrolase and other HIT family hydrolases	ジアデノシン四リン酸 (Ap4A) ヒドロラーゼ および 他の HIT ファミリー ヒドロラーゼ
1513	1441557	1441976	647821	647402	1591	F-2	1441659	1441965	99	MazG	R	COG0537 Hit	COG0537 Hit
1514	1441888	1442184	647490	647194	1210	F-1	1441981	1442116	30	SerC	HE	Predicted pyrophosphatase	推定ピロホスファターゼ
												Phosphoserine aminotransferase COG1932	ホスホセリンアミノトランスフェラーゼ COG1932 SerC

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 109/151

1558	1488253	1489308	601125	600070	1202	1202	1488253	1489308	553	-	R	Predicted methyltransferases	推定メチルトランスフェラーゼ
1559	1489417	1490157	599961	599221	252	1202	1489417	1490157	257	-	R	Uncharacterized ATPases of the PP-loop superfamily	PP-ループスーパーファミリーの未同定ATPアーゼ
1560	1490211	1490753	599167	598625	981	1202	1490211	1490753	206	PaaD	R	Putative aromatic ring hydroxylating enzyme	推定芳香族環水酸化酵素
1561	1490896	1491087	598482	598291	253	1202	1490896	1491087	99	Fer	C	Ferredoxin I	フェレドキシンI
1562	1491222	1491395	598156	597983	1576	1202	1491222	1491395	103	RPS31	J	Ribosomal protein S27AE	リボソームタンパク質 S27AE
1563	1491406	1491738	597972	597640	1201	1202	1491406	1491738	159	RPS24A	J	Ribosomal protein S24E	リボソームタンパク質 S24E
1564	1491692	1492225	597866	597153	1907	1202	1491692	1492225	199	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
1565	1492222	1492431	597156	596947	1200	1202	1492222	1492431	99	-	K	DNA-directed RNA polymerase subunit E"	DNA指向性RNAポリメラーゼサブユニット E"
1566	1492428	1493000	596950	596378	1575	1202	1492428	1493000	261	RPB7	K	DNA-directed RNA polymerase subunit E'	DNA指向性RNAポリメラーゼサブユニット E'
1567	1493037	1493573	596341	595805	1574	1202	1493037	1493573	312	Ppa	C	Inorganic pyrophosphatase	無機ピロホスファターゼ
1568	1493631	1494593	595747	594785	1573	1202	1493631	1494593	33	AcnA	C	Aconitase A	アコニターゼ A
1569	1494613	1495560	594765	593818	1199	1202	1494613	1495560	33	-	T	GAF domain-containing proteins	GAFドメイン含有タンパク質
1570	1495557	1496564	593821	592814	1572	1202	1495557	1496564	235	LepB	N	Signal peptidase I	シグナルペプチダーゼ I
1571	1496677	1497216	592701	592162	1198	1202	1496677	1497216	32	LeuA	E	Isopropylmalate/homocitrate/citramalate synthases	イソプロピルリンゴ酸/ホモクエイン酸/シトラリンゴ酸シンターゼ
1572	1497231	1497902	592147	591476	1571	1202	1497231	1497902	33	-	H	6-pyruvoyl-tetrahydropterin synthase	6-ピルビル-テトラヒドロプテリンシンターゼ
1573	1498015	1498506	591363	590872	1197	1202	1498015	1498506	31	DcuC	C	O4-dicarboxylate transporter	O4-dカルボキシル酸トランスポーター
1574	1498893	1500954	589485	588424	1196	1202	1498893	1500954	498	WcaG	MG	Nucleoside-diphosphate-sugar epimerases COG0451	ヌクレオシド-ジリン酸-糖エピメラーゼCOG0451 WcaG

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 110/151

1575	1500975	1501334	588403	588044	982	f-3	1500978	1501332	167	-	R	Predicted nucleotidyltransferases	推定ヌクレオチジルトランスフェラーゼ
1576	1501234	1501755	588144	587623	254	f-1	1501312	1501732	222	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1577	1501752	1502747	587626	586631	983	f-3	1501752	1502745	510	GCD1	MJ	Nucleoside-diphosphate-sugar pyrophosphorylases involved in lipopolysaccharide biosynthesis/translation initiation factor eIF2B subunits COG1208 GCD1	リボポリサッカリド合成に関与するヌクレオシド-ジリン酸-糖ピロホスホリラーゼ/翻訳開始因子 eIF2B サブユニット COG1208 GCD1
1578	1502782	1504029	586596	585349	255	f-1	1502782	1503988	650	RfbX	R	Membrane protein involved in the export of O-antigen and teichoic acid	O-抗原 および テイコイン酸の輸送に関する膜タンパク質
1579	1503705	1503881	585673	585497	1570	f-2	1503741	1503867	27	CysN	P	GTPases - Sulfate adenylyl transferase subunit 1	GTPアーゼ - 硫酸塩 アデニル酸トランスフェラーゼ サブユニット 1
1580	1506454	1507683	582924	581695	256	f-1	1506496	1507669	617	TagB	M	Putative glycosyl/glycerophosphate transferases involved in teichoic acid biosynthesis TagF/TagB/EpsJ/RodC	テイコイン酸合成 TagF/TagB/EpsJ/RodCに関与する推定 グリコシル/グリセロリン酸 トランスフェラーゼ
1581	1507680	1508369	581698	581009	984	f-3	1507680	1508364	371	IspD	I	4-diphosphocytidyl-2-methyl-D-erythritol synthase	4-ジホスホシチジル-2-メチル-D-エリスリトール シンターゼ
1582	1508513	1509250	580865	580128	616	f-2	1508513	1509248	404	WcaA	M	Glycosyltransferases involved in cell wall biogenesis	細胞壁 合成に関与するグリコシルトランスフェラーゼ
1583	1509284	1511584	580094	577794	1906	f-3	1509311	1511570	800	-	R	Uncharacterized membrane protein	未同定膜タンパク質

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 111/151

1584	1512986	1513759	576392	575619	617	f-2	1513040	1513637	119	WcaA	M	Glycosyltransferases involved in cell wall biogenesis	細胞壁 生合成に関与するグリコシルトランスフェラーゼ
1585	1513756	1514835	575622	574543	257	f-1	1513756	1514773	191	RfaG	M	Predicted glycosyltransferases	推定グリコシルトランスフェラーゼ
1586	1515877	1516842	573501	572536	258	f-1	1516165	1516792	93	RfaG	M	Predicted glycosyltransferases	推定グリコシルトランスフェラーゼ
1587	1518510	1518569	570868	570809	1569	f-2							
1588	1519816	1521600	569552	567778	259	f-1	1520431	1520620	32	LoA	M	Outer membrane lipoprotein-sorting protein	外膜リポタンパク質ソーター
1589	1519824	1519925	569554	569453	1568	f-2							タンパク質
1590	1521735	1522592	567643	566786	985	f-3	1521990	1522401	37	HsdR	L	Restriction enzymes type I helicase subunits and related helicases	制限酵素型Iヘリカーゼ サブユニット および 関連ヘリカーゼ
1591	1523210	1524667	566168	564711	618	f-2	1523219	1523624	31	-	S	Uncharacterized membrane-associated protein/domain	未同定膜結合 タンパク質/ドメイン
1592	1525075	1526076	564303	563302	260	f-1	1525372	1525714	35	-	S	Predicted archaeal membrane protein	推定古細菌膜タンパク質
1593	1526066	1526449	563312	562929	1905	f-3	1526066	1526432	84	RfaG	M	Predicted glycosyltransferases	推定グリコシルトランスフェラーゼ
1594	1529489	1530295	559889	559083	619	f-2	1529501	1530284	389	NagD	G	Predicted sugar phosphatases of the HAD superfamily	HAD スーパーファミリーの推定糖 ホスファターゼ
1595	1530296	1530733	559082	558645	620	f-2	1530557	1530722	33	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1596	1530894	1536164	558484	553214	986	f-3	1534812	1536162	744	NrdA	F	Ribonucleotide reductase alpha subunit	リボヌクレオチドレダクターゼ αサブユニット
1597	1536298	1536771	553080	552607	261	f-1	1536307	1536769	230	-	R	Predicted phosphoribosyltransferases	推定ホスホリボシルトランスフェラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 112/151

1598	1536811	552567	552013	262	f-1	1536811	1537363	268	LigT	J	2'-5' RNA ligase	2'-5' RNA リガーゼ
1599	1540326	549052	547676	987	f-3	1540326	1541697	582	CCA1	J	tRNA nucleotidyltransferase (CCA-adding enzyme)	tRNA スクレオチルトランススフエラーゼ (CCA-付加酵素)
1600	1541901	547477	545687	1567	f-2	1542636	1542834	33	Gmd	M	GDP-D-mannose dehydratase	GDP-D-マンノースデヒドラターゼ
1601	1543754	545624	545316	621	f-2	1543862	1544054	28	DPH2	J	Diphthamide synthase subunit DPH2	ジフタミド シンターゼ サブユニット DPH2
1602	1544093	545285	544458	622	f-2	1544096	1544915	261	RhaT	GE R	Permeases of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily COG0697 RhaT	薬物のパーミアアーゼ/代謝産物トランスポーター (DMT) スーパーファミリー COG0697 RhaT
1603	1544970	544408	544031	988	f-3	1545231	1545324	32	-	S	Uncharacterized BCR	未同定BCR
1604	1545432	543946	543410	1566	f-2	1545432	1545966	183	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1605	1546165	543213	540016	263	f-1	1546165	1549360	1910	IleS	J	Isoleucyl-tRNA synthetase	イソロイシル-tRNA シンターゼ
1606	1549370	540008	539856	1904	f-3	1549385	1549490	27	GobQ	H	Cobyrate acid synthase	コピリン酸シンターゼ
1607	1550195	539183	537924	1903	f-3	1550882	1551290	32	BaeS	T	Sensory transduction histidine kinases	感覚器 伝達ヒスチジン キナーゼ
1608	1551384	537994	537872	989	f-3							
1609	1551637	537741	537370	1195	f-1	1551637	1552006	162	VapC	R	Predicted nucleic acid-binding protein	推定核酸結合 タンパク質
1610	1551975	537403	537161	1565	f-2	1551975	1552212	105	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1611	1552330	537048	536290	264	f-1	1552351	1552525	33	QcrB	C	Cytochrome b subunit of the bc complex	bc 複合体のシトクロムb サブユニット
1612	1553108	536270	533898	1902	f-3	1553126	1555466	1072	LacA	G	Beta-galactosidase (exo-beta-D-glucosaminidase)	β -ガラクトシダーゼ(エキソ β -D-グルコサミニダーゼ)
1613	1555474	533804	533083	1194	f-1	1555474	1556287	359	Agas	M	Predicted phosphosugar isomerases	推定ホスホ糖 イソメラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 113/151

1614	1556455	1557438	532923	531940	1193	1556482	1557424	491	OppF	EP	ABC-type dipeptide/oligopeptide/nicke I transport system	ABC型ジペプチド/オリゴペプチ ド/ニックル輸送系
1615	1557416	1558507	531962	530871	1901	1557539	1558493	497	DppD	EP	ABC-type dipeptide/oligopeptide/nicke I transport system	ABC型ジペプチド/オリゴペプチ ド/ニックル輸送系
1616	1558390	1559334	530988	530044	1192	1558408	1559320	357	DppC	EP	ABC-type dipeptide/oligopeptide/nicke I transport systems	ABC型ジペプチド/オリゴペプチ ド/ニックル輸送系
1617	1559337	1560350	530041	529028	1564	1559364	1560345	529	DppB	EP	ABC-type dipeptide/oligopeptide/nicke I transport systems	ABC型ジペプチド/オリゴペプチ ド/ニックル輸送系
1618	1560382	1561011	528996	528367	1191	1560382	1560955	219	OppA	EP	ABC-type dipeptide/oligopeptide/nicke I transport systems	ABC型ジペプチド/オリゴペプチ ド/ニックル輸送系
1619	1561392	1562597	527986	526781	1563	1561392	1562439	468	OppA	EP	ABC-type dipeptide/oligopeptide/nicke I transport systems	ABC型ジペプチド/オリゴペプチ ド/ニックル輸送系
1620	1562832	1564286	526546	525092	990	1562838	1564281	790	BglB	G	Beta-glucosidase/6-phosph o-beta-glucosidase/beta- galactosidase	β -グルコシダーゼ/6-ホスホ- β -グルコシダーゼ/ β -ガラク トシダーゼ
1621	1564489	1564938	524889	524440	265	1564489	1564933	158	VapC	R	Predicted nucleic acid-binding protein	推定核酸結合 タンパク質
1622	1564960	1565772	524418	523606	1190	1564972	1565767	355	-	S	deacetylase	デアセチラーゼ
1623	1565943	1569653	523435	519725	991	1566258	1567437	330	ChiA	G	Chitinase	キチナーゼ
1624	1569699	1571144	519679	518234	1562	1570038	1571139	557	-	R	Uncharacterized ACR related to pyruvate formate-lyase activating enzyme	未同定ACR 関連 α ピルビン 酸 蝶酸塩-リアーゼ活性化酵 素

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 114/151

1625	1570858	1571220	518520	518158	266	f-1	1570867	1571218	169	POP5	L	RNase P subunit P14 and its archaeal orthologs	RNアーゼP サブユニット P14 および その古細菌オルソログ
1626	1571217	1572563	518161	516815	1561	r-2	1571217	1572540	557	GigA	G	Glycogen synthase	グリコーゲン シンターゼ
1627	1572612	1573637	516766	515741	1560	r-2	1572624	1573587	119	-	K	Predicted transcriptional regulators	推定転写レギュレーター
1628	1573641	1573748	515737	515630	1559	r-2							
1629	1573710	1575680	515668	513698	992	f-3	1574037	1575441	267	AmyA	G	Glycosidases	グリコシダーゼ
1630	1575753	1577099	513625	512279	993	f-3	1575753	1577070	692	MalE	G	Maltose-binding periplasmic proteins/domains	マルトース結合 ペリプラスムタンパク質/ドメイン
1631	1577138	1578040	512240	511338	623	f-2	1577138	1578032	480	MalF	G	ABC-type sugar transport systems	ABC型糖 輸送系
1632	1578037	1579284	511341	510094	267	f-1	1578049	1579279	466	MalG	G	Sugar permeases	糖パーミアーゼ
1633	1579294	1582596	510084	506782	268	f-1	1579300	1582387	1626	-	G	Alpha-amylase/alpha-mannosidase	α -アミラーゼ/ α -マンノシダーゼ
1634	1582707	1583825	506671	505553	994	f-3	1582707	1583823	623	MalK	G	ABC-type sugar/spermidine/putrescine/iron/thiamine transport systems	ABC型糖/スベルミジン/ブトレシン/鉄/チアミン 輸送系
1635	1583858	1584259	505520	505119	624	f-2	1583870	1584245	146	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
1636	1584289	1585641	505089	503737	289	f-1	1584292	1585606	321	CpsG	G	Phosphomannomutase	ホスホマンノムターゼ
1637	1585646	1586575	503732	502803	1900	r-3	1585760	1586573	431	PhnP	R	Metal-dependent hydrolases of the beta-lactamase superfamily I	β -ラクタマーゼ スーパーファミリー I の金属依存性ヒドロラーゼ
1638	1586361	1588547	503017	500831	995	f-3	1586673	1588470	865	-	S	Uncharacterized membrane protein	未同定膜タンパク質
1639	1588597	1588962	500781	500416	270	f-1	1588741	1588915	31	LysR	K	Transcriptional regulator	転写レギュレーター

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 115/151

1640	1588919	1590214	500459	499164	625	f-2	1588952	1590212	639	ArgE	E	Acetylornithine deacetylase/Succinyl-diaminopimelate desuccinylase and related deacylases	アセチルオルニチンデアセチラーゼ/スクシニル-ジアミノピメルン酸デスククニラーゼ および関連デアシラーゼ
1641	1590298	1591578	499080	497800	271	f-1	1590586	1590886	31	ThrS	J	Threonyl-tRNA synthetase	トレオニル-tRNA シンセターゼ
1642	1591902	1592372	497476	497006	1558	f-2	1592157	1592334	29	BglC	G	Endoglucanase	エンドグルカナーゼ
1643	1592769	1593515	496609	495863	996	f-3	1592769	1593501	411	SmtA	QR	SAM-dependent methyltransferases COG0500 SmtA	SAM依存性メチルトランスフェラーゼ COG0500 SmtA
1644	1593682	1594884	495696	494494	1189	f-1	1593694	1594882	644	-	R	Predicted SAM-dependent methyltransferases	推定SAM依存性メチルトランスフェラーゼ
1645	1595017	1595325	494361	494053	272	f-1	1595017	1595104	30	-	R	Predicted phosphate-binding enzymes	推定リン酸結合 酵素
1646	1596465	1597058	492913	492320	1557	f-2	1596477	1596711	30	DltE	R	Short-chain dehydrogenases of various substrate specificities	種々の基質特異性の短鎖デヒドロゲナーゼ
1647	1597751	1598509	491627	490869	1899	f-3	1597778	1598507	387	RAD55	T	RecA-superfamily ATPases implicated in signal transduction	RecA-スーパーファミリー ATPアーゼ、シグナル伝達に関連
1648	1598676	1599902	490702	489476	997	f-3	1598700	1599873	396	PR12	L	Eukaryotic-type DNA primase	真核生物型DNA プライマーゼ
1649	1599886	1600935	489492	488443	273	f-1	1599904	1600903	474	PR11	L	Eukaryotic-type DNA primase	真核生物型DNA プライマーゼ
1650	1601220	1601777	488158	487601	998	f-3	1601223	1601760	67	RhaT	GE R	Permeases of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily COG0697 RhaT	薬剤のパーミアターゼ/代謝産物トランスポーター (DMT) スーパーファミリー COG0697 RhaT
1651	1603727	1603786	485651	485592	626	f-2							
1652	1604088	1604264	485290	485114	1556	f-2	1604088	1604154	26	-	S	Uncharacterized AtCR	未同定AtCR

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 116/151

1653	1604708	1606048	484670	483330	627	f-2	1604768	1606046	714	GlnA	E	Glutamine synthase	グルタミン シンターゼ
1654	1606039	1606902	483339	482476	1188	r-1	1606045	1606855	363	RhaT	GE R	Permeases of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily COG0697 RhaT	薬剤のパーミアーズ/代謝産物 トランスポーター (DMT) スー パーファミリー COG0697 RhaT
1655	1606912	1607685	482466	481693	1187	r-1	1606921	1607683	375	NadE	H	NAD synthase	NAD シンターゼ
1656	1607663	1607971	481715	481407	1898	r-3	1607762	1607855	30	FUJ1	FH	Cytosine/uracil/thiamine/all arctoin permeases COG1853 FUJ1	シトシン/ウラシル/チアミン/ア ラントインパーミアーズ COG1853 FUJ1
1657	1608213	1609220	481165	480158	1555	r-2	1608213	1609215	592	OppF	EP	ABC-type dipeptide/oligopeptide/nicke l transport system	ABC型ジペプチド/オリゴペプチ ド/ニックエル輸送系
1658	1609231	1610190	480147	479188	1186	r-1	1609231	1610188	581	DppD	EP	ABC-type dipeptide/oligopeptide/nicke l transport system	ABC型ジペプチド/オリゴペプチ ド/ニックエル輸送系
1659	1610202	1611623	479176	477755	1554	r-2	1610202	1611618	657	DppC	EP	ABC-type dipeptide/oligopeptide/nicke l transport systems	ABC型ジペプチド/オリゴペプチ ド/ニックエル輸送系
1660	1611635	1612684	477743	476694	1897	r-3	1611635	1612673	540	DppB	EP	ABC-type dipeptide/oligopeptide/nicke l transport systems	ABC型ジペプチド/オリゴペプチ ド/ニックエル輸送系
1661	1612865	1615312	476513	474066	1896	r-3	1613654	1614983	57	OppA	EP	ABC-type dipeptide/oligopeptide/nicke l transport systems	ABC型ジペプチド/オリゴペプチ ド/ニックエル輸送系
1662	1615653	1616882	473725	472496	999	f-3	1615659	1616868	523	PyrC	F	Dihydroorotase	ジヒドロオロターゼ
1663	1616860	1617561	472518	471817	274	f-1	1616860	1617553	338	UbiB	HC	2-polypropenylphenol hydroxylase and related flavodoxin oxidoreductases COG0543 UbiB	2-ポリプロピフェノール ヒド ロキシラーゼ および 関連フラ ボドキシシン オキシドレダクター ゼ COG0543 UbiB

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 117/151

1664	1617558	1618517	471820	470861	1000	f-3	1617616	1618512	516	-	R	Predicted Fe-S oxidoreductases	推定Fe-S オキシドレダクターゼ
1665	1617756	1617815	471822	471563	1553	f-2							
1666	1618578	1619276	470800	470102	1001	f-3	1618647	1619130	33	DppC	EP	ABC-type dipeptide/oligopeptide/nickel transport systems	ABC型ジペプチド/オリゴペプチド/ニッケル輸送系
1667	1619263	1621227	470115	468151	1185	f-1	1619266	1621183	975	-	G	Alpha-amylase/alpha-mannosidase (4-alpha-glucanotransferase)	α -アミラーゼ/ α -マンノシダーゼ (4- α -グルカノトランスフェラーゼ)
1668	1621305	1621934	468073	467444	1552	f-2	1621305	1621890	216	SEC59	I	Dolichol kinase	ドリコールキナーゼ
1669	1622735	1622920	466643	466458	628	f-2	1622735	1622909	33	-	S	Uncharacterized archaeal membrane protein	未同定古細菌膜タンパク質
1670	1622922	1624112	466456	465266	1002	f-3	1622940	1624066	499	KefB	P	Kef-type K ⁺ transport systems	Kef型K ⁺ 輸送系
1671	1624133	1625287	465245	464091	629	f-2	1624136	1625279	536	GadB	E	Glutamate decarboxylase and related PLP-dependent proteins	グルタミン酸デカルボキシラーゼ および 関連PLP依存性タンパク質
1672	1625321	1625563	464057	463815	630	f-2	1625339	1625441	39	-	K	Predicted transcriptional regulators containing the CopG/Arc/MetJ DNA-binding domain	CopG/Arc/MetJ DNA結合ドメインを含む推定転写レギュレーター
1673	1625628	1625717	463750	463661	1003	f-3	1625631	1625709	30	MazF	T	Growth inhibitor	増殖インヒビター
1674	1625816	1625929	463562	463449	631	f-2							
1675	1625919	1626824	463459	462554	1551	f-2	1625964	1626810	346	MMT1	P	Predicted Co/Zn/Gd cation transporters	推定Co/Zn/Gd カチオントランスポーター
1676	1627009	1627614	462369	461764	1184	f-1	1627279	1627477	32	RpoB	K	DNA-directed RNA polymerase beta subunit/140 kD subunit (split in Mjan	DNA指向性RNA ポリメラーゼ β サブユニット/140 kD サブユニット (split 遺伝子 in Mjan

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 118/151

												gene in Mjan	
1677	1627793	1629337	461585	460041	632	F-2	1627817	1629101	316	RfbX	R	Membrane protein involved in the export of O-antigen and teichoic acid	O-抗原 および テイコイク酸の輸送に関する膜タンパク質
1678	1629435	1630595	459943	458783	1004	F-3	1629435	1630491	336	-	M	Predicted membrane-associated Zn-dependent proteases 1	推定膜結合 Zn依存性プロテアーゼ 1
1679	1630596	1631720	458782	457658	1005	F-3	1630749	1631694	526	MesJ	D	Predicted ATPase of the PP-loop superfamily implicated in cell cycle control	推定ATPアーゼ of the PP-ループスーパーファミリー、細胞周期制御に関連
1680	1630637	1630705	458741	458673	1895	F-3							
1681	1631799	1633073	457579	456305	1006	F-3	1631853	1633008	232	-	R	Uncharacterized ATPases of the AAA superfamily	AAA スーパーファミリーの未定ATPアーゼ
1682	1633129	1633257	456249	456121	275	F-1	1633156	1633240	30	IleS	J	Isoleucyl-tRNA synthetase	イソロイシール-tRNA シンセターゼ
1683	1634125	1634739	455253	454639	276	F-1	1634227	1634494	33	AraJ	G	Arabinose efflux permease	アラビノース エフラックスパーミアーゼ
1684	1634253	1634369	455125	455009	1550	F-2	1634256	1634337	27	SUL1	P	Sulfate permease and related transporters (MFS superfamily)	硫酸塩 パーミアーゼ および関連トランスポーター(MFS スーパーファミリー)
1685	1634744	1635046	454634	454332	633	F-2	1634744	1635005	108	MarR	K	Transcriptional regulators	転写レギュレーター
1686	1635049	1635365	454329	453013	1183	F-1	1635139	1635348	703	BglB	G	Beta-glucosidase/6-phospho-beta-glucosidase/beta-galactosidase	β-グルコシダーゼ/6-ホスホβ-グルコシダーゼ/β-ガラクトシダーゼ
1687	1636376	1637356	453002	452022	634	F-2	1636376	1637351	544	GalT	C	Galactose-1-phosphate uridylyltransferase	ガラクトース-1-リン酸 ウリジリトランスフェラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 119/151

1688	1637336	1638673	452042	450705	1894	1637342	1638653	675				
1689	1638670	1639755	450708	449623	1182	1638670	1639744	536	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1690	1639752	1640816	449626	448562	1549	1639764	1640805	404	GalK	G	Galactokinase	ガラクトキナーゼ
1691	1640937	1641557	448441	447821	1548	1641177	1641468	34	-	S	Predicted membrane protein	推定膜タンパク質
1692	1641581	1643545	447797	445833	1893	1641581	1643381	744	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1693	1643712	1644038	445666	445340	1007	1643826	1644036	33	ArgS	J	Arginyl-tRNA synthetase	アルギニル-tRNA シンセターゼ
1694	1644035	1644664	445343	444714	1892	1644044	1644641	198	Pcp	O	Pyrrolidone-carboxylate peptidase (N-terminal pyroglutamyl peptidase)	ピロリドン-カルボキシル酸 ペプチダーゼ(N末端ピログルタミル ペプチダーゼ)
1695	1644711	1645832	444667	443546	1008	1644717	1645830	464	FixC	C	Dehydrogenases (flavoproteins)	デヒドロゲナーゼ (フラビンタンパク質)
1696	1645842	1646195	443536	443183	1009	1645923	1646169	33	BisC	C	Anaerobic dehydrogenases	嫌気性デヒドロゲナーゼ
1697	1646550	1647749	442828	441629	1010	1647372	1647549	32	UgpB	G	Sugar-binding periplasmic proteins/domains	糖結合 ペリプラスムタンパク質 /ドメイン
1698	1651192	1652691	438186	436687	1181	1651192	1652689	865	-	E	Zn-dependent carboxypeptidases	Zn依存性カルボキシペプチダーゼ
1699	1652842	1653462	436536	435916	277	1652848	1653448	222	-	L	Predicted site-specific integrase-resolvase	推定部位特異的インテグラーゼ-レゾルバース
1700	1653443	1654624	435935	434754	635	1653509	1654499	137	-	L	Predicted transposases	推定トランスポザース
1701	1654676	1655512	434702	433866	636	1654808	1655423	74	RbsK	G	Sugar kinases	糖 キナーゼ
1702	1655924	1656976	433454	432402	1891	1655990	1660971	407	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1703	1657257	1658210	432121	431168	1547	1657269	1658208	465	-	R	MoxR-like ATPases	MoxR様ATPアーゼ
1704	1658633	1658857	430745	430521	1890	1658633	1658831	97	PppA	N	Signal peptidase	シグナルペプチダーゼ
1705	1659540	1660034	429838	429344	1011	1659564	1659858	32	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1706	1660137	1660616	429241	428762	1012	1660143	1660560	142	SlpA	O	FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerases 2	FKBP型ペプチジル-プロリル シス-トランスイソメラーゼ 2

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 120/151

1707	1660605	1661033	428773	428345	1546	r-2	1660605	1661031	155	-	S	Predicted membrane protein	推定膜タンパク質
1708	1661293	1661439	428085	427939	278	f-1							
1709	1661519	1662583	427859	426795	1889	r-3	1661531	1662581	392	-	S	Predicted membrane protein	推定膜タンパク質
1710	1662585	1666019	426793	423359	1545	r-2	1663952	1665537	735	-	L	Inteins	インティン
1711	1666185	1666505	423193	422873	1544	r-2	1666254	1666413	29	AcoA	C	Thiamine pyrophosphate-dependent dehydrogenases	チアミンピロリン酸依存性デヒドロゲナーゼ
1712	1667046	1668500	422332	420878	1543	r-2	1667046	1668477	231	-	S	Uncharacterized ArCR	未特定ArCR
1713	1668573	1668914	420805	420464	1013	f-3	1668708	1668849	30	-	L	Predicted transposase	推定トランスポザーゼ
1714	1668871	1669944	420507	419434	279	f-1	1668952	1669942	506	-	R	Predicted GTPases	推定GTPアーゼ
1715	1669941	1671896	419437	417482	1542	r-2	1670538	1670883	48	-	R	ABC-type transport systems	ABC型輸送系
1716	1671856	1672545	417522	416833	1180	r-1	1671859	1672504	200	PhnL	R	ABC-type transport systems	ABC型輸送系
1717	1672642	1672686	416736	416692	1179	r-1							
1718	1672713	1673096	416665	416282	1541	r-2	1672713	1673079	144	DppC	EP	ABC-type dipeptide/oligopeptide/nickel transport systems	ABC型ジペプチド/オリゴペプチド/ニッケル輸送系
1719	1673965	1674999	415413	414379	1178	r-1	1673965	1674997	226	DppB	EP	ABC-type dipeptide/oligopeptide/nickel transport systems	ABC型ジペプチド/オリゴペプチド/ニッケル輸送系
1720	1675448	1676545	413930	412833	637	f-2	1675448	1676543	556	-	L	Predicted N6-adenine-specific DNA methylases	推定N6-アデニン-特異的DNAメチラーゼ
1721	1676630	1677790	412748	411588	638	f-2	1676780	1677785	572	PstS	P	ABC-type phosphate transport system	ABC型リン酸輸送系
1722	1677812	1678636	411566	410742	639	f-2	1677812	1678583	259	IdE	G	Sugar phosphate isomerases/epimerases	糖リン酸 イソメラーゼ/エピメラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 121/151

1723	1678705	1679553	410673	409825	280	f-1	1678705	1679548	414	PstC	P	ABC-type phosphate transport system	ABC型リン酸 輸送系
1724	1679540	1680370	409838	409008	640	f-2	1679555	1680299	326	PstA	P	ABC-type phosphate transport system	ABC型リン酸 輸送系
1725	1680367	1681128	409011	408250	281	f-1	1680373	1681126	395	PstB	P	ABC-type phosphate transport system	ABC型リン酸 輸送系
1726	1681383	1681730	407995	407648	1014	f-3	1681476	1681683	44	PhoU	P	Phosphate uptake regulator	リン酸 取り込み レギュレータ
1727	1681740	1682333	407638	407045	1015	f-3	1681740	1682328	251	PhoU	P	Phosphate uptake regulator	リン酸 取り込み レギュレータ
1728	1682428	1682817	406950	406561	282	f-1	1682536	1682704	33	WcaA	M	Glycosyltransferases involved in cell wall biogenesis	細胞壁 生合成に関与するグリコシルトランスフェラーゼ
1729	1682818	1683495	406560	405883	1177	f-1	1682821	1683493	387	MhpD	Q	2-keto-4-pentenoate hydratase/2-oxohepta-3-en e-1	2-ケト-4-ペンテン酸 ヒドラターゼ/2-オキソヘプタ-3-エン-1
1730	1683568	1684578	405810	404800	1176	f-1	1683947	1684462	56	PepN	E	Aminopeptidase N	アミノペプチダーゼN
1731	1684439	1684564	404939	404814	841	f-2	1684475	1684559	26	Lon	O	ATP-dependent Lon protease	ATP依存性Lon プロテアーゼ
1732	1685535	1686689	403843	402689	1540	f-2	1685535	1686684	692	TrpS	J	Tryptophanyl-tRNA synthetase	トリプトファン-ル-tRNA シンセターゼ
1733	1686869	1687045	402509	402333	642	f-2	1686875	1687043	62	-	S	Uncharacterized ArOR	未特定ArOR
1734	1687089	1687931	402289	401447	1016	f-3	1687152	1687899	185	RhaT	GE R	Permeases of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily COG0697 RhaT	薬剤のパーミアターゼ/代謝産物トランスポーター (DMT) スーパーファミリー COG0697 RhaT
1735	1687932	1689299	401446	400079	1539	f-2	1687932	1689249	416	-	R	Predicted ATPase of the AAA superfamily	AAA スーパーファミリーの推定 ATPアーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 122/151

1736	1689399	1690175	39979	399203	1017	F-3	1689399	1690173	345	PhnP	R	Metal-dependent hydrolases of the beta-lactamase superfamily I	β -ラクタマーゼ スーパーファミリー 10 の金属依存性ヒドロラーゼ
1737	1691003	1692442	398375	396936	1888	F-3	1691042	1692428	796	-	C	Acyl-CoA synthetase (NDP forming)	アシル-CoA シンセターゼ (NDP 形成)
1738	1692515	1693180	396863	396198	643	F-2	1692605	1693172	303	ArsR	K	Predicted transcriptional regulators	推定転写レギュレーター
1739	1693184	1693489	396194	395889	644	F-2	1693184	1693484	186	-	S	Uncharacterized ArOR	未特定 ArOR
1740	1693499	1694056	395879	395322	645	F-2	1693508	1694048	163	ArsR	K	Predicted transcriptional regulators	推定転写レギュレーター
1741	1694157	1695629	395221	393749	1018	F-3	1694355	1695186	159	AmyA	G	Glycosidases	グリコシダーゼ
1742	1695642	1696265	393736	393113	1538	F-2	1695957	1696233	33	PurC	F	Phosphoribosylaminimidazole succinocarboxamide (SAICAR) synthase	ホスホリボシルアミノイミダゾールスルシンカルボキサミド (SAICAR) シンターゼ
1743	1696275	1697726	393103	391652	1537	F-2	1696845	1697721	342	-	G	Predicted sugar kinase	推定糖 キナーゼ
1744	1697807	1698145	391571	391233	646	F-2	1697810	1697912	30	MeIB	G	Na ⁺ /melibiose symporter and related transporters	Na ⁺ /メリビオース シンポーター および 関連トランスポーター
1745	1699092	1699178	390286	390200	1019	F-3							
1746	1699622	1700173	389756	389205	1887	F-3	1699640	1700171	246	-	S	Uncharacterized ACR related to the C-terminal domain of histone macroH2A1	未特定 ACR, ヒストンマクロ H2A1 の C 末端ドメインに関連
1747	1700210	1701493	389168	387885	1886	F-3	1700210	1701479	464	SsnA	FR	Cytosine deaminase and related metal-dependent hydrolases COG0402 SsnA	シトシン デアミナーゼ および 関連金属依存性ヒドロラーゼ COG0402 SsnA
1748	1703531	1704163	385847	385215	647	F-2	1703534	1704155	92	-	R	Predicted transglutaminase-like proteases	推定トランスグルタミナーゼ様 プロテアーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 123/151

1749	1704224	1704970	385154	384408	1885	1704326	1704965	243	GckA	G	Putative glycerate kinase	推定 グリセリン酸 キナーゼ
1750	1704989	1705141	384389	384237	1884	1704989	1705127	25	-	S	Uncharacterized membrane protein	未同定膜タンパク質
1751	1705367	1705314	384011	383064	1883	1705332	1705312	441	Pnp	F	Purine nucleoside phosphorylase	プリンヌクレオシド ホスホリラーゼ
1752	1706139	1706984	383239	382394	1020	1706256	1706982	384	-	R	Archaeal enzymes of ATP-grasp superfamily	ATP-grasp スーパーファミリーの古細菌酵素
1753	1706986	1707378	382392	382000	283	1706995	1707373	151	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1754	1707375	1708133	382003	381245	1536	1707387	1708125	346	-	L	Predicted nuclease of the RecB family	RecB ファミリーの推定ヌクレアーゼ
1755	1708168	1710714	381210	378664	1175	1710097	1710712	349	RecA	L	RecA/RadA recombinase	RecA/RadA リコンビナーゼ
1756	1710855	1711487	378523	377891	1535	1710987	1711224	54	Kch	P	Kef-type K+ transport systems	Kef型K+ 輸送系
1757	1712778	1714040	376600	375338	1021	1712805	1713984	651	CDG6	LO	Cdc6-related protein	Cdc6-関連タンパク質
1758	1714040	1716247	375338	373131	648	1714652	1716230	621	HYS2	L	DNA polymerase small subunit	DNA ポリメラーゼスモールサブユニット
1759	1716248	1721644	373130	367734	649	1716272	1719128	1536	-	L	Novel archaeal DNA polymerase (contains Zn-fingers)	Novel 古細菌DNA ポリメラーゼ(Zn-フィンガーを含む)
1760	1721669	1722406	367709	366972	650	1721813	1722029	31	OpsG	G	Phosphomannomutase	ホスホマンノムターゼ
1761	1722894	1723436	366484	365942	1022	1723122	1723365	39	-	L	Predicted nuclease of the RecB family	RecB ファミリーの推定ヌクレアーゼ
1762	1725222	1725860	364156	363518	1023	1725222	1725828	250	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1763	1725857	1726705	363521	362673	1882	1725956	1726703	376	LpIA	H	Lipoate-protein ligase A	リポ酸-タンパク質 リガーゼ A
1764	1727964	1729022	361414	360356	1024	1727964	1728660	358	WcaA	M	Glycosyltransferases involved in cell wall biogenesis	細胞壁 生合成に関与するグリコシルトランスフェラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 124/151

1765	1729029	1729787	360349	359591	1025	f-3	1729104	1729779	218	RAD55	T	RecA-superfamily ATPases implicated in signal transduction	RecA-スーパーファミリー ATPアーゼ、シグナル伝達に関与
1766	1729784	1730227	359594	359151	651	f-2	1729898	1730222	41	RacX	M	Aspartate racemase	アスパラギン酸ラセマーゼ
1767	1730270	1731955	359108	357423	652	f-2	1730270	1731941	651	lap	R	Predicted aminopeptidases	推定アミノペプチダーゼ
1768	1731945	1732280	357433	357098	1534	f-2	1731963	1732158	40	-	K	Predicted transcriptional regulators	推定転写レギュレーター
1769	1732332	1732982	357046	356396	1533	f-2	1732377	1732974	216	-	R	Predicted IOC-like phosphoesterases	推定IOC様ホスホエステラーゼ
1770	1732998	1733120	356380	356258	1532	f-2							
1771	1733473	1734267	355905	355111	284	f-1	1733473	1734256	398	-	R	Predicted amidohydrolase	推定アミドヒドロラーゼ
1772	1734255	1735046	355123	354332	1531	f-2	1734255	1735020	255	SmtA	OR	SAM-dependent methyltransferases COG0500 SmtA	SAM依存性メチルトランスフェラーゼ COG0500 SmtA
1773	1735212	1735793	354166	353585	1026	f-3	1735221	1735443	29	PstA	P	ABC-type phosphate transport system	ABC型リン酸 輸送系
1774	1736419	1736520	352959	352858	285	f-1							
1775	1736456	1736896	352922	352482	653	f-2	1736840	1736717	32	-	K	Predicted transcriptional regulator	推定転写レギュレーター
1776	1736893	1737423	352485	351955	1174	f-1	1737130	1737328	30	CcmB	O	ABC-type transport system involved in cytochrome c biogenesis	ABC型輸送系、シトクロムc 合成に関与
1777	1737620	1738414	351758	350964	1881	f-3	1738181	1738397	33	FaoB	P	Ferrous ion uptake system protein FaoB (predicted GTPase)	鉄(II)イオン取り込み 系タンパク質 FaoB (推定GTPアーゼ)
1778	1738777	1739505	350601	349873	1173	f-1	1738843	1738912	33	ChrA	P	Chromate transport protein ChrA	クロム酸輸送タンパク質 ChrA
1779	1739502	1739852	349876	349526	1530	f-2	1739508	1739850	169	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 125/151

1780	1739935	1740549	349443	348829	1172	r-1	1740337	1740451	32	CarA	EF	Carbamoylphosphate synthase small subunit COG0505 CarA	カルバモイルリン酸シンターゼ スモールサブユニット COG0505 CarA
1781	1740792	1741826	348586	347552	1027	f-3	1740801	1741818	515	DPH2	J	Diphthamide synthase subunit DPH2	ジフタミド シンターゼ サブユニ ット DPH2
1782	1741926	1743704	347452	345674	1028	f-3	1742919	1743285	38	FlaD	N	Putative archaeal flagellar protein D/E	推定 古細菌鞭毛 タンパク質 D/E
1783	1743694	1743937	345684	345421	1171	r-1	1743727	1743910	31	RpoE	K	DNA-directed RNA polymerase specialized sigma subunits	DNA指向性RNA ポリメラーゼ 特異的σ サブユニット
1784	1743938	1744243	345440	345135	1880	r-3	1744073	1744232	30	SIR2	H	NAD-dependent protein deacetylases	NAD依存性タンパク質 デアセ チラーゼ
1785	1744245	1745591	345133	343787	1529	r-2	1744263	1745559	346	RAD55	T	RecA-superfamily ATPases implicated in signal transduction	RecA-スーパーファミリー ATP アーゼ、シグナル伝達に関連
1786	1745650	1746300	343728	343078	286	f-1	1745671	1746277	250	-	J	Predicted RNA methylase	推定RNA メチラーゼ
1787	1746894	1747268	342484	342110	1029	f-3	1746915	1747134	31	-	L	Superfamily I DNA and RNA helicases and helicase subunits	スーパーファミリー I DNA およ び RNA ヘリカーゼ および ヘ リカーゼ サブユニット
1788	1747308	1748660	342070	340718	1030	f-3	1747314	1748610	504	Sun	J	tRNA and rRNA cytosine-C5-methylases	tRNA および rRNA シトシン -C5-メチラーゼ
1789	1749755	1749931	339623	339447	1879	r-3	1749755	1749899	26	TatC	N	Sec-independent protein secretion pathway component TatC	Sec非依存性タンパク質 分泌 経路成分 TatC
1790	1749900	1749992	339478	339386	1031	f-3							
1791	1750416	1751543	338962	337835	1528	r-2	1750896	1751238	32	CirA	P	Outer membrane receptor proteins	外膜レセプタータンパク質

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 126/151

1792	1751717	1752793	337661	336585	1878	r-3	1751852	1752785	449	MscS	M	Small-conductance mechanosensitive channel	小コンダクタンス機械感受性 チャネル
1793	1752795	1753493	336583	335885	1527	r-2	1752852	1753491	155	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1794	1753468	1755291	335910	334087	1170	r-1	1755019	1755211	37	Mfd	LK	Transcription-repair coupling factor - superfamily II helicase COG1197 Mfd	転写修復共役 因子-スーパー ファミリー II ヘリカーゼ COG1197 Mfd
1795	1755444	1756100	333934	333278	1526	r-2	1755450	1756041	210	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1796	1756133	1756924	333245	332454	1877	r-3	1756133	1756826	127	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1797	1757029	1757460	332349	331918	1169	r-1	1757053	1757452	175	-	R	Uncharacterized proteins of Pili N-term./Vapc superfamily	未同定タンパク質 of Pili N-term./Vapc スーパーファミリー
1798	1757494	1758735	331884	330643	1168	r-1	1757503	1758730	716	TufB	JE	GTPases - translation elongation factors COG0050 TufB	GTPアーゼ - 翻訳 延長因子 COG0050 TufB
1799	1758870	1758998	330508	330380	1525	r-2							
1800	1760394	1760735	328984	328643	1032	r-3	1760619	1760721	27	-	L	Adenine-specific DNA methylase	アデニン-特異的DNA メチラー ゼ
1801	1762166	1762558	327212	326820	1876	r-3	1762181	1762556	176	RPS6A	J	Ribosomal protein S6E (S10)	リボソーム タンパク質 S6E (S10)
1802	1762676	1762846	326702	326532	654	r-2	1762772	1762844	27	Kup	P	K+ transporter	K+ トランスポーター
1803	1762843	1763493	326535	325885	1167	r-1	1763275	1763446	33	Smc	D	Chromosome segregation ATPases	染色体分離ATPアーゼ
1804	1763590	1764141	325788	325237	287	r-1	1763593	1764109	251	-	R	Predicted GTPases	推定GTPアーゼ
1805	1764136	1764609	325242	324769	1166	r-1	1764163	1764607	251	Lrp	K	Transcriptional regulators	転写レギュレーター
1806	1764704	1765804	324674	323574	655	r-2	1764752	1765748	348	-	R	Predicted GTPase or GTP-binding protein	推定GTPアーゼ または GTP 結合 タンパク質
1807	1765840	1766682	323538	322696	288	r-1	1765849	1766680	343	UbiA	H	4-hydroxybenzoate polyprenyltransferase	4-ヒドロキシ安息香酸ポリプレ ニルトランスフェラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 127/151

1808	1766679	1767068	322699	322310	1033	F-3	1766814	1766988	29	Arp	R	Ankyrin repeat proteins	アンキリンリピート タンパク質
1809	1767079	1767885	322299	321493	1165	F-1	1767079	1767619	281	-	S	Uncharacterized ArCR	未定ArCR
1810	1767919	1768269	321459	321109	1164	F-1	1768081	1768183	32	MukB	D	Uncharacterized protein involved in chromosome partitioning	染色体分画化に関与する未定タンパク質
1811	1768271	1769350	321107	320028	1875	F-3	1768280	1769300	431	-	L	Replication factor A large subunit and related ssDNA-binding proteins	複製因子A ラージサブユニット および 関連ssDNA結合 タンパク質
1812	1769469	1770143	319509	319235	1524	F-2	1769559	1770099	308	-	K	Predicted transcriptional regulator containing the HTH domain	HTH ドメインを含む推定転写 レギュレーター
1813	1770892	1772169	318486	317209	289	F-1	1770901	1772104	447	SfA	C	Malic enzyme	リンゴ酸酵素
1814	1772144	1772719	317234	316659	1874	F-3	1772201	1772711	199	FumA	C	Tartrate dehydratase beta subunit/Fumarate hydratase class I	酒石酸デヒドラーゼ β サブ ユニット/フマル酸ヒドラーゼ クラス I
1815	1772653	1773303	316725	316075	1163	F-1	1772680	1773301	226	TtdA	C	Tartrate dehydratase alpha subunit/Fumarate hydratase class I	酒石酸デヒドラーゼ α サブ ユニット/フマル酸ヒドラーゼ クラス I
1816	1773571	1774485	315807	314893	1162	F-1	1773571	1774483	523	SerA	E	Phosphoglycerate dehydrogenase and related dehydrogenases	ホスホグリセリン酸 デヒドロゲナーゼ および 関連デヒドロゲナーゼ
1817	1774489	1775145	314889	314233	1161	F-1	1774504	1775140	266	-	P	Phosphate transport regulator (distant homolog of PhoU)	リン酸 輸送レギュレーター (PhoUの遠い ホモログ)
1818	1775139	1776068	314239	313310	1523	F-2	1775139	1776039	357	ApbA	H	Ketopantoate reductase	ケトパントン酸レダクターゼ
1819	1776073	1776540	313305	312838	1160	F-1							
1820	1776586	1777293	312792	312085	290	F-1	1776589	1777270	186	LasT	J	rRNA methylase	rRNA メチラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 128/151

1821	1777281	1777811	312097	311567	1034	f-3	1777287	1777806	173	Ada	L	Methylated DNA-protein cysteine methyltransferase (O6 methylguanine DNA methyltransferase)	メチル化DNA-タンパク質 シス テイン メチルトランスフェラーゼ (O6メチルグアニンDNAメチルト ランスフェラーゼ)
1822	1777799	1778830	311579	310548	656	f-2	1777799	1778813	413	NrfG	R	TPR-repeat-containing proteins	TPR-リピート含有 タンパク質
1823	1779069	1779554	310309	309824	1035	f-3	1779219	1779549	131	EGD2	K	Transcription factor homologous to NACalpa-BTF3	NAC α -BTF3に相同な転写因 子
1824	1779558	1779923	309820	309455	1522	f-2	1779657	1779912	68	-	S	Uncharacterized ACR	未定 ACR
1825	1779979	1781619	309399	307759	1159	f-1	1780849	1781521	40	NtpC	C	Archaea/vacuolar-type H ⁺ -ATPase subunit C	古細菌/液胞型H ⁺ -ATPアーゼ サブユニット C
1826	1781597	1782928	307781	306450	657	f-2	1781600	1782872	573	Hrx	R	GTPases	GTPアーゼ
1827	1782866	1783828	306512	305550	1873	f-3	1782914	1783826	312	PitA	P	Phosphate/sulphate permeases	リン酸/硫酸塩パーミアーゼ
1828	1784010	1784594	305368	304784	1036	f-3	1784037	1784592	213	PorG	C	Pyruvate:ferredoxin oxidoreductase and related 2-oxoacid:ferredoxin oxidoreductases	ピルビン酸:フェレドキシンオキ シンドレダクターゼおよび 関連2- オキソ酸:フェレドキシンオキシ ンドレダクターゼ
1829	1784774	1784953	304604	304425	658	f-2	1784774	1784951	125	-	C	Pyruvate:ferredoxin oxidoreductase and related 2-oxoacid:ferredoxin oxidoreductases	ピルビン酸:フェレドキシンオキ シンドレダクターゼおよび 関連2- オキソ酸:フェレドキシンオキシ ンドレダクターゼ
1830	1784955	1786151	304423	303227	1037	f-3	1784964	1786149	643	PorA	C	Pyruvate:ferredoxin oxidoreductase and related 2-oxoacid:ferredoxin oxidoreductases	ピルビン酸:フェレドキシンオキ シンドレダクターゼおよび 関連2- オキソ酸:フェレドキシンオキシ ンドレダクターゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 129/151

1831	1786148	1787092	303230	302286	659	f-2	1786157	1787090	559	PorB	C	Pyruvate:ferredoxin oxidoreductase and related 2-oxoacid:ferredoxin oxidoreductases	ビルビン酸:フェレドキシンオキシ ドレダクターゼおよび 関連2- オキソ酸:フェレドキシンオキシ ドレダクターゼ
1832	1787147	1787473	302231	301905	660	f-2	1787156	1787471	207	-	C	Pyruvate:ferredoxin oxidoreductase and related 2-oxoacid:ferredoxin oxidoreductases	ビルビン酸:フェレドキシンオキシ ドレダクターゼおよび 関連2- オキソ酸:フェレドキシンオキシ ドレダクターゼ
1833	1787485	1788669	301893	300709	291	f-1	1787485	1788664	609	PorA	C	Pyruvate:ferredoxin oxidoreductase and related 2-oxoacid:ferredoxin oxidoreductases	ビルビン酸:フェレドキシンオキシ ドレダクターゼおよび 関連2- オキソ酸:フェレドキシンオキシ ドレダクターゼ
1834	1788671	1789675	300707	299703	661	f-2	1788677	1789673	537	PorB	C	Pyruvate:ferredoxin oxidoreductase and related 2-oxoacid:ferredoxin oxidoreductases	ビルビン酸:フェレドキシンオキシ ドレダクターゼおよび 関連2- オキソ酸:フェレドキシンオキシ ドレダクターゼ
1835	1789714	1790697	299664	298681	292	f-1	1790005	1790227	33	MhpC	R	Predicted hydrolases or acyltransferases (alpha/beta hydrolase superfamily)	推定ヒドロラーゼ または アシ ルトランスフェラーゼ(α/β ヒ ドロラーゼ スーパーファミリー)
1836	1790705	1791568	298673	297810	662	f-2	1791065	1791434	32	HemE	H	Uroporphyrinogen-III decarboxylase	ウロポルフィリノゲン-IIIデカル ボキシラーゼ
1837	1791624	1791959	297754	297419	1038	f-3	1791801	1791948	29	RfaG	M	Predicted glycosyltransferases	推定グリコシルトランスフェラー ゼ
1838	1791963	1792769	297415	296609	1039	f-3	1792029	1792191	32	MoaD	H	Molybdopterin converting factor	モリブドプテリン 転換因子
1839	1792792	1793328	296586	296050	293	f-1	1792792	1793008	33	Qor	CR	NADPH:quinone reductase and related Zn-dependent oxidoreductases COG0604 Qor	NADPH:キノンレダクターゼ お よび 関連Zn依存性オキシドレ ダクターゼ COG0604 Qまたは は

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 130/151

1840	1793325	1794524	296053	294854	1521	1793325	1794519	702	CsdB	E	Selenocysteine lyase	Selenosysteine リアーゼ
1841	1794521	1794823	294857	294555	1872	1794566	1794758	35	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1842	1794964	1796124	294414	293254	294	1794988	1796095	285				
1843	1796129	1797154	293249	292224	1871	1796147	1797152	553	HypE	O	Hydrogenase maturation factor	ヒドロゲナーゼ 成熟 因子
1844	1797235	1797561	292143	291817	1158	1797256	1797493	70	-	R	Predicted nucleotidyltransferases	推定ヌクレオチジルトランスフェラーゼ
1845	1797561	1797665	291817	291713	1520	1797561	1797663	43	VapC	R	Predicted nucleic acid-binding protein	推定核酸結合 タンパク質
1846	1797674	1798116	291504	291262	1157							
1847	1798158	1800545	291220	288833	1519	1798227	1800540	1259	HypF	O	Hydrogenase maturation factor	ヒドロゲナーゼ 成熟 因子
1848	1800686	1801306	288692	288072	1870	1800704	1801031	33	Eno	G	Enolase	エノラーゼ
1849	1801592	1802125	287786	287253	663	1801595	1802084	187	Ftn	P	Ferritin-like protein	フェリチン様タンパク質
1850	1802245	1803363	287133	286015	1156	1802260	1803361	605	HypD	O	Hydrogenase maturation factor	ヒドロゲナーゼ 成熟 因子
1851	1803363	1803602	286015	285776	1518	1803375	1803597	108	HypC	O	Hydrogenase maturation factor	ヒドロゲナーゼ 成熟 因子
1852	1803666	1804280	285712	285098	1040	1803675	1804212	246	MobA	H	Molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein A	モリブドプテリン-グアニンジヌクレオチド生合成 タンパク質 A
1853	1804317	1804535	285061	284843	1517	1804335	1804389	25	CelB	G	Phosphotransferase system cellobiose-specific component IIC	ホスホトランスフェラーゼ 系セロビオース-特異的成分 IIC
1854	1804571	1805047	284807	284331	1869	1804607	1804994	135	HyaD	C	Ni(Hydrogenase maturation factor)	Ni(ヒドロゲナーゼ成熟因子)
1855	1805521	1805853	283857	283525	1155	1805653	1805707	28	SrmB	LK J	Superfamily II DNA and RNA helicases COG0513 SrmB	スーパーファミリー II DNA および RNA ヘリカーゼ COG0513 SrmB

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 131/151

1856	1805911	1806657	283467	282721	1154	r-1	1805920	1806655	359	Mip	D	ATPases involved in chromosome partitioning (Hydrogenase maturation factor)	染色体分画化に関与するATPアーゼ(ヒドロゲナーゼ成熟因子)
1857	1806654	1807073	282724	282305	1516	r-2	1806654	1807068	204	HybF	R	Zn finger protein HypA/HybF (possibly regulating hydrogenase expression) (Hydrogenase maturation factor)	Zn フィンガータンパク質 HypA/HybF (おそらくヒドロゲナーゼ発現を調節する)(ヒドロゲナーゼ成熟因子)
1858	1807161	1808084	282217	281294	1041	f-3	1807203	1808076	384	CzcD	P	Co/Zn/Cd efflux system component	Co/Zn/Cd エフラックス系成分
1859	1808249	1808404	281129	280974	664	f-2	1808249	1808387	80	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1860	1808394	1808819	280984	280559	1515	r-2	1808403	1808814	190	-	C	Ferredoxin 3	フェレドキシン3
1861	1808985	1811618	280393	277760	1042	f-3	1810719	1811187	32	AtI	E	ABC-type amino acid transport system	ABC型アミノ酸輸送系
1862	1811744	1812487	277634	276891	665	f-2	1811753	1812473	339	-	R	Predicted permeases	推定パーミアーゼ
1863	1812518	1813510	276860	275868	1868	r-3	1812518	1813508	476	TehA	P	Tellurite resistance protein and related permeases	亜テール酸 耐性 タンパク質 および 関連パーミアーゼ
1864	1813353	1813550	276025	275828	1043	f-3	1813368	1813533	29	ZntA	P	Cation transport ATPases	カチオン輸送ATPアーゼ
1865	1813638	1814054	275740	275324	1514	r-2	1813665	1814004	163	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1866	1814141	1814644	275237	274734	1867	r-3	1814216	1814633	227	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1867	1814559	1814648	274819	274730	1044	f-3							
1868	1814829	1815962	274549	273416	1045	f-3	1814829	1815960	486	FecB	P	ABC-type Fe3+-siderophores transport systems	ABC型Fe3+-シデロフォア輸送系
1869	1815959	1817002	273419	272376	666	f-2	1815974	1816997	415	BuC	PH	ABC-type cobalamin/Fe3+-siderophores transport systems	ABC型コバラミン/Fe3+-シデロフォア輸送系

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 132/151

1870	1816999	1817745	272379	271633	295	f-1	1817017	1817737	273	FepC	PH	ABC-type cobalamin/Fe3+-siderophor es transport systems	ABC型コバラミン/Fe3+-シデロ フォア 輸送系
1871	1817756	1818715	271622	270663	667	f-2	1817828	1818653	497	Mrp	D	ATPases involved in chromosome partitioning	染色体分画化に関与するATP アーゼ
1872	1819570	1819776	269808	269602	1153	f-1	1819570	1819675	30	-	S	Uncharacterized BCR	未同定BCR
1873	1820187	1820936	269191	268442	1513	f-2	1820226	1820424	35	XerC	L	Integrase	インテグラーゼ
1874	1820961	1821659	268417	267719	1512	f-2	1821201	1821552	171	TFA1	K	Transcription initiation factor IIE	転写開始因子IIE
1875	1821659	1821841	267719	267537	1866	f-3	1821659	1821827	32	DnaG	L	DNA primase (bacterial type)	DNA プライマーゼ (細菌型)
1876	1822105	1823073	267273	266305	296	f-1	1822105	1823071	471	GcmA	Q	ABC-type multidrug transport system	ABC型多剤輸送系
1877	1823702	1823782	265676	265596	1865	f-3							
1878	1823857	1824675	265521	264703	297	f-1	1823857	1824673	314	-	R	ABC-type multidrug transport system	ABC型多剤輸送系
1879	1824662	1825624	264716	263754	1864	f-3	1824740	1825610	353	RbsK	G	Sugar kinases	糖 キナーゼ
1880	1825648	1826151	263730	263227	298	f-1	1825648	1826035	153	-	E	Predicted regulator of amino acid metabolism (contains the ACT domain)	アミノ酸代謝の推定レギュレー ター(ACT ドメインを含む)
1881	1826226	1826504	263152	262874	1511	f-2	1826229	1826502	167	AcyP	C	Acylphosphatases	アシルホスファターゼ
1882	1826572	1826886	262806	262492	299	f-1	1826581	1826866	147	CutA	P	Uncharacterized protein involved in tolerance to divalent cations	二価カチオンに対する耐性に関 与する未同定タンパク質
1883	1826859	1827470	262519	261908	1046	f-3	1826883	1827468	267	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1884	1827563	1828408	261815	260970	1863	f-3	1827782	1828406	229	UspA	T	Universal stress protein UspA and related nucleotide-binding proteins	ユニバーサルストレスタンパク 質 UspA および 関連ヌクレオ チド結合 タンパク質

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 133/151

1885	1828493	1829698	260885	259680	668	f-2	1828493	1829693	715	GcvT	E	Glycine cleavage system T protein (aminomethyltransferase)	グリシン切断系 T タンパク質 (アミノメチルトランスフェラーゼ)
1886	1829731	1830558	259647	258820	300	f-1	1829740	1830544	264	RhaT	QE	Permeases of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily COG0697 RhaT	薬剤のパーミアーズ/代謝産物 トランスポーター (DMT) スーパーファミリー COG0697 RhaT
1887	1830621	1831115	258757	258263	1510	f-2	1830621	1831113	183	LepB	N	Signal peptidase I	シグナルペプチダーゼ I
1888	1831076	1831645	258302	257733	1862	f-3	1831085	1831622	216	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定 ArCR
1889	1831699	1832772	257679	256606	301	f-1	1831702	1832746	182	NrfG	R	TPR-repeat-containing proteins	TPR-リピート含有 タンパク質
1890	1832777	1833709	256601	256669	669	f-2	1832777	1833704	455	-	E	Zn-dependent dipeptidase	Zn 依存性 diペプチダーゼ
1891	1833706	1834158	255672	255220	1152	f-1	1833727	1834135	32	-	K	Predicted transcriptional regulators	推定転写レギュレーター
1892	1834155	1834856	255223	254522	1509	f-2	1834173	1834839	282	RAD55	T	RecA-superfamily ATPases implicated in signal transduction	RecA-スーパーファミリー ATP アーゼ、シグナル伝達に関連
1893	1834992	1835603	254386	253775	1047	f-3	1835103	1835448	32	EntF	Q	Non-ribosomal peptide synthetase modules and related proteins	Non-リボソーム ペプチドシンセターゼ モジュールおよび関連タンパク質
1894	1835581	1836201	253797	253177	302	f-1	1835662	1835971	31	MalG	G	Sugar permeases	糖パーミアーズ
1895	1836239	1837111	253139	252267	670	f-2	1836248	1837079	383	-	R	Predicted archaeal methyltransferase	推定古細菌メチルトランスフェラーゼ
1896	1837108	1838508	252270	250870	1151	f-1	1838029	1838308	37	-	S	Uncharacterized ACR	未同定 ACR
1897	1838515	1839846	250863	249532	1150	f-1	1838542	1839790	132	-	S	Predicted membrane protein	推定膜タンパク質
1898	1839843	1842821	249535	246557	1508	f-2	1840532	1841325	43	-	L	Micrococcal nuclease (thermonuclease) homologs	ミクロコッカスヌクレアーゼ(サーモヌクレアーゼ) ホモログ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 134/151

1899	1842996	1844864	246382	244514	1507	1842996	1844859	1005	DAP2	E	Dipeptidyl aminopeptidases/acylamino cyl-peptidases	Diペプチジル アミノペプチダー ゼ/アシルアミノアシルペプチ ダーゼ
1900	1844947	1845273	244431	244105	303	1845022	1845157	33	RhaT	GE	Permeases of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily COG0697 RhaT	薬剤のパーミアーゼ/代謝産物 トランスポーター (DMT) スー パーファミリー COG0697 RhaT
1901	1845241	1845942	244137	243436	1149	1845325	1845895	161	-	T	Predicted Ser/Thr protein kinase	推定Ser/Thr タンパク質 キナ ーゼ
1902	1845932	1846168	243446	243210	671	1845941	1846166	142	Lrp	K	Transcriptional regulators	転写レギュレーター
1903	1846267	1847184	243111	242194	1148	1846267	1847173	317	CcmA	Q	ABC-type multidrug transport system	ABC型多剤輸送系
1904	1847191	1848111	242187	241267	1147	1847221	1847701	73	NosY	R	ABC-type transport system involved in multi-copper enzyme maturation	多重銅酵素 成熟に関与する ABC型輸送系
1905	1848117	1849664	241261	239714	1506	1849086	1849260	38	NosY	R	ABC-type transport system involved in multi-copper enzyme maturation	多重銅酵素 成熟に関与する ABC型輸送系
1906	1853437	1853742	235941	235636	1146	1853590	1853701	36	Lon	O	ATP-dependent Lon protease	ATP依存性Lon プロテアーゼ
1907	1853826	1853894	235552	235484	1048							
1908	1853933	1854607	235445	234771	1861	1853933	1854602	294	-	P	Phosphate transport regulator (distant homolog of PhoU)	リン酸 輸送レギュレーター (PhoUの遠いホモログ)
1909	1854612	1855832	234766	233546	1506	1854621	1855830	596	Pta	P	Phosphate/sulphate permeases	リン酸/硫酸塩パーミアーゼ
1910	1855928	1857586	233450	231792	1860	1856972	1857395	47	Icc	R	Predicted phosphohydrolases	推定ホスホヒドロラーゼ
1911	1857656	1858012	231722	231366	672	1857656	1857998	178	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 135/151

1912	1858017	1859300	231361	230078	1504	r-2	1858017	1859286	652	MiaB	J	2-methylthioadenine synthetase	2-メチルチオアデニン シンセターゼ
1913	1859380	1859607	229998	229771	1145	r-1	1859389	1859596	64	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定 ArCR
1914	1859895	1860141	229683	229237	1144	r-1	1859701	1860133	179	HyaD	C	Ni (hydrogenase maturation factor)	Ni (ヒドロゲナーゼ成熟因子)
1915	1860556	1860741	228822	228637	1143	r-1							
1916	1860814	1862100	228504	227278	1142	r-1	1860814	1862098	674	-	C	Coenzyme F420-reducing hydrogenase (hydrogenase subunit)	補酵素 F420-還元ヒドロゲナーゼ (ヒドロゲナーゼサブユニット)
1917	1862097	1862900	227281	226478	1503	r-2	1862118	1862898	438	-	C	Coenzyme F420-reducing hydrogenase (hydrogenase subunit)	補酵素 F420-還元ヒドロゲナーゼ (ヒドロゲナーゼサブユニット)
1918	1862902	1863786	226476	225592	1141	r-1	1862908	1863784	571	UbiB	HC	2-polypropenylphenol hydroxylase and related flavodoxin oxidoreductases [~] COG0543 UbiB (hydrogenase subunit)	2-ポリプロピニルフェノール ヒドロキシラーゼ および 関連フラボドキシニン オキシドレダクターゼ COG0543 UbiB (ヒドロゲナーゼサブユニット)
1919	1863783	1864895	225595	224483	1502	r-2	1863783	1864887	705	NapF	C	Ferredoxin 2 (hydrogenase subunit)	フェレドキシン2 (ヒドロゲナーゼサブユニット)
1920	1865656	1866711	223722	222667	304	r-1	1865683	1866691	263	GltD	ER	NADPH依存性グルタミン酸シンターゼ β 鎖 および 関連オキシドレダクターゼ COG0493 GltD	NADPH依存性グルタミン酸シンターゼ β 鎖 および 関連オキシドレダクターゼ COG0493 GltD
1921	1866693	1867223	222685	222155	1049	r-3	1866717	1867119	156	HyaA	C	Fe-S-cluster-containing hydrogenase components 1	Fe-S-クラスター含有 ヒドロゲナーゼ 成分 1
1922	1867473	1868666	221905	220712	1050	r-3	1867578	1868649	350	BisC	C	Anaerobic dehydrogenases (formate dehydrogenase)	嫌気性デヒドロゲナーゼ (乳酸デヒドロゲナーゼ)
1923	1868696	1869637	220882	219741	673	r-2	1868696	1869554	303	BisC	C	Anaerobic dehydrogenases	嫌気性デヒドロゲナーゼ (乳酸)

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 137/151

1936	1876992	1877561	212386	211817	1056	f-3	1877043	1877556	248	HycE	C	Ni	Ni
1937	1877558	1878838	211820	210540	677	f-2	1877567	1878836	699	HycE	C	Ni	Ni
1938	1878843	1879835	210535	209543	1057	f-3	1878861	1879833	369	HycC	C	Formate hydrogenlyase subunit 4	蟻酸塩 水素リアーゼ サブユニット 4
1939	1879832	1880263	209546	209115	678	f-2	1879847	1880195	198	NuoI	C	Formate hydrogenlyase subunit 6/NADH:ubiquinone oxidoreductase 23 kD subunit (chain I)	蟻酸塩 水素リアーゼ サブユニット 6/NADH:ユビキノンをシトクローム c ₁ 23 kD サブユニット (鎖 I)
1940	1880264	1880797	209114	208581	1859	f-3	1880270	1880729	91	-	S	Uncharacterized ACR	未同定 ACR
1941	1880784	1881278	208594	208100	1501	f-2	1880790	1881246	85	-	S	Uncharacterized ACR	未同定 ACR
1942	1881271	1881759	208107	207619	1140	f-1	1881289	1881745	103	-	S	Uncharacterized ACR	未同定 ACR
1943	1881790	1882272	207588	207106	1139	f-1	1881790	1882261	149	-	S	Uncharacterized protein sharing a conserved domain with thiamine biosynthesis protein ThiI	チアミン合成 タンパク質 ThiI と保存ドメインを共有する未同定タンパク質
1944	1882334	1883542	207044	205836	679	f-2	1882352	1883525	602	HolB	L	ATPase involved in DNA replication	DNA 複製に関与する ATPアーゼ
1945	1883543	1884076	205835	205302	680	f-2	1883549	1884074	176	-	R	Predicted membrane-bound metal-dependent hydrolases	推定膜結合金属依存性ヒドロラーゼ
1946	1884157	1885149	205221	204229	309	f-1	1884157	1885144	503	TrxB	O	Thioredoxin reductase	チオレドキシンレダクターゼ
1947	1885281	1886627	204097	202751	1058	f-3	1885290	1886607	544	ArgD	E	PLP-dependent aminotransferases	PLP 依存性アミノトランスフェラーゼ
1948	1886671	1887270	202707	202108	310	f-1	1886914	1886980	30	NarK	P	Nitrate/nitrite transporter	硝酸/亜硝酸 トランスポーター
1949	1887267	1887560	202111	201818	1500	f-2	1887291	1887549	33	-	R	Predicted RNA-binding proteins	推定 RNA 結合 タンパク質
1950	1887544	1888218	201834	201160	1138	f-1	1887553	1888216	254	DeoC	F	Deoxyribose-phosphate aldolase	デオキシリボース-リン酸 アルドラーゼ
1951	1888724	1890025	200654	199353	681	f-2	1888727	1890020	724	Eno	G	Enolase	エノラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 138/151

1952	1890006	1890557	199372	198821	1499	r-2	1890105	1890522	58	-	K	Predicted transcriptional regulators	推定転写レギュレーター
1953	1890634	1894026	198744	195352	311	f-1	1891621	1893961	221	-	R	Predicted drug exporters of the RND superfamily	RND スーパーファミリーの推定薬物エクスポーター
1954	1894318	1894365	195060	195013	312	f-1							
1955	1894442	1895158	194936	194220	682	f-2	1894442	1895156	386	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1956	1895222	1895692	194156	193686	1858	f-3	1895252	1895690	245	Lrp	K	Transcriptional regulators	転写レギュレーター
1957	1895730	1896284	193648	193094	1498	r-2	1895730	1896279	270	-	F	Xanthosine triphosphate pyrophosphatase	キサントシン トリリン酸ピロホスファターゼ
1958	1896330	1896818	193048	192560	1497	r-2	1896330	1896813	298	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1959	1896886	1897806	192492	191572	313	f-1	1896895	1897795	332	Lrp	K	Transcriptional regulators	転写レギュレーター
1960	1897803	1898744	191575	190634	1486	r-2	1897803	1898718	283	-	R	Predicted Fe-S oxidoreductases	推定Fe-S オキシドレダクターゼ
1961	1898830	1899255	190548	190123	1137	r-1	1898833	1899241	162	MoaE	H	Molybdopterin converting factor	モリブドプテリン 転換因子
1962	1899309	1900178	190069	189200	1059	f-3	1899738	1899900	33	AcS	I	Acyl-coenzyme A synthetases/AMP-(fatty) acid ligases	アシル補酵素 A シンセターゼ/AMP-(脂肪) 酸リガーゼ
1963	1900171	1900881	189207	188497	1136	r-1	1900183	1900876	335	ThiF	H	Dinucleotide-utilizing enzymes involved in molybdopterin and thiamine biosynthesis family 2	モリブドプテリン および チアミン合成 ファミリー 2に関与するジヌクレオチド利用 酵素
1964	1901205	1901720	188173	187658	1495	r-2	1901214	1901718	248	CdsA	I	CDP-diglyceride synthetase	CDP-ジグリセリドシンセターゼ
1965	1901783	1902706	187595	186672	683	f-2	1901933	1902416	32	BaeS	T	Sensory transduction histidine kinases	感覚器 伝達ヒスチジン キナーゼ
1966	1902746	1903273	186632	186105	684	f-2	1902941	1903163	32	-	R	Predicted methyltransferase	推定メチルトランスフェラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 139/151

1967	1903277	1904434	186101	184944	685	f-2	1903283	1904432	596	Sun	J	tRNA and tRNA cytosine-C5-methylases	tRNA および tRNA シトシン -C5-メチラーゼ
1968	1904431	1905462	184947	183916	314	f-1	1904446	1905403	212	-	R	Predicted integral membrane protein	推定内在性膜タンパク質
1969	1905501	1906337	183877	183041	1060	f-3	1905501	1905332	397	-	R	Predicted kinase	推定キナーゼ
1970	1906334	1907098	183044	182280	1857	f-3	1906616	1908817	32	AcrR	K	Transcriptional regulator	転写レギュレーター
1971	1907089	1908066	182289	181312	1135	f-1	1907089	1908061	538	QR17	O	Metal-dependent proteases with possible chaperone activity	可能なシャペロン 活性を有す る金属依存性プロテアーゼ
1972	1908127	1909461	181251	179917	1134	f-1	1908145	1909459	683	-	C	Acyl-CoA synthetase (NDP forming)	アシル-CoA シンセターゼ (NDP 形成)
1973	1909517	1910014	179861	179364	686	f-2	1909526	1909982	250	-	R	Predicted nucleotidyltransferase	推定ヌクレオチジルトランスフェ ラーゼ
1974	1910023	1910727	179355	178651	315	f-1	1910053	1910725	372	TplA	G	Triosephosphate isomerase	トリオースリン酸 イソメラーゼ
1975	1912010	1912546	177368	176832	687	f-2	1912019	1912544	278	BtuR	H	ATP-corrinoid adenosyltransferase	ATP-コリノイド アデノシルトラン スフェラーゼ
1976	1912651	1912902	176727	176476	316	f-1	1912651	1912900	138	-	S	Uncharacterized AtCR	未同定 AtCR
1977	1912921	1913589	176457	175789	1133	f-1	1913035	1913575	240	AraD	G	Ribulose-5-phosphate 4-epimerase and related epimerases and aldolases	リブローズ-5-リン酸 4-エピメラ ーゼ および 関連エピメラーゼ および アルドラーゼs
1978	1913472	1914050	175906	175328	1494	f-2	1913595	1913922	33	RplV	J	Ribosomal protein L22	リボソーム タンパク質 L22
1979	1914387	1914812	174991	174566	1493	f-2	1914387	1914810	226	Lrp	K	Transcriptional regulators	転写レギュレーター
1980	1914882	1916204	174496	173174	1492	f-2	1914954	1916193	541	TrmA	J	SAM-dependent methyltransferases related to tRNA (uracil-5-)-methyltransferas e	SAM依存性メチルトランスフェラ ーゼ, tRNA (ウラシル-5-)-メ チルトランスフェラーゼに関連

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 140/151

1981	1916252	1916479	173126	172899	688	F-2	1916282	1916402	28	MarR	K	Transcriptional regulators	転写レギュレーター
1982	1916521	1917351	172857	172027	317	F-1	1916572	1917262	240	-	D	ATPases involved in chromosome partitioning	染色体分離化に関与するATPアーゼ
1983	1917310	1917879	172058	171499	1132	F-1	1917334	1917847	221	PyxE	F	Orotate phosphoribosyltransferase	オロチン酸ホスホリボシルトランスフェラーゼ
1984	1918215	1918709	171163	170669	1061	F-3	1918230	1918401	32	-	R	Predicted metal-dependent membrane protease	推定金属依存性膜プロテアーゼ
1985	1918693	1920390	170685	168988	1131	F-1	1918711	1920385	880	CDC9	L	ATP-dependent DNA ligase	ATP依存性DNA リガーゼ
1986	1920429	1921331	168949	168047	1491	F-2	1920429	1921329	375	-	R	Predicted archaeal kinases of the sugar kinase superfamily	糖 キナーゼ スーパーファミリーの推定古細菌キナーゼ
1987	1921407	1923065	167971	166313	1490	F-2	1921407	1923051	700	NhaO	C	Na ⁺ /H ⁺ antiporter	Na ⁺ /H ⁺ アンチポーター
1988	1923377	1923970	166001	165408	1856	F-3	1923425	1923968	301	-	L	Uracil-DNA glycosylase	ウラシル-DNA グリコシラーゼ
1989	1923967	1924317	165411	165061	1130	F-1	1924050	1924255	31	Spo0J	K	Predicted transcriptional regulators	推定転写レギュレーター
1990	1924478	1926250	164900	163128	689	F-2	1924478	1926233	1040	-	R	Predicted Fe-S oxidoreductases	推定Fe-S オキシドレダクターゼ
1991	1926252	1926566	163126	162812	1062	F-3	1926297	1926447	28	LysR	K	Transcriptional regulator	転写レギュレーター
1992	1926707	1929025	162671	160353	690	F-2	1926872	1929020	723	Tar	N	Methyl-accepting chemotaxis protein	メチル受容化学走性タンパク質
1993	1929037	1930491	160341	158887	1129	F-1	1930174	1930438	30	LysU	J	Lysyl-tRNA synthetase class II	Lysyl-tRNA シンセターゼ クラス II
1994	1930573	1930920	158805	158458	318	F-1	1930582	1930909	125	-	R	Putative effector of murein hydrolase LrgA	推定エフェクター of ムレインヒドロラーゼ LrgA
1995	1930917	1931588	158461	157790	1063	F-3	1930917	1931586	258	LrgB	M	Putative effector of murein hydrolase	推定エフェクター of ムレインヒドロラーゼ
1996	1931535	1932002	157843	157376	1489	F-2	1931541	1931976	224	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 141/151

1997	1932193	1932927	157185	156451	319	f-1	1932292	1932925	325	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
1998	1932928	1933236	156450	156142	1128	f-1	1932997	1933207	32	PhoS	J	Phenylalanyl-tRNA synthetase alpha subunit	フェニルアラニル-tRNA シンセターゼ α サブユニット
1999	1933306	1933578	156072	155800	320	f-1	1933306	1933561	93	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
2000	1933671	1934051	155707	155327	1064	f-3	1933671	1934034	98	-	R	Predicted nucleic acid-binding protein	推定核酸結合 タンパク質
2001	1934029	1935735	155349	153643	1127	f-1	1934029	1935685	764	-	J	Queuine tRNA-ribosyltransferases	キューイン tRNA-リボシルトランスフェラーゼ
2002	1935745	1936650	153633	152728	1126	f-1	1935754	1936648	433	-	S	Uncharacterized archaeal coiled-coil domain	未同定古細菌コイルドコイルドメイン
2003	1936888	1937835	152490	151543	1125	f-1	1936891	1937824	501	ArcC	E	Carbamate kinase	カルバミン酸キナーゼ
2004	1937965	1939305	151413	150073	1124	f-1	1938043	1939021	52	HemY	H	Protoporphyrinogen oxidase	プロトポルフィリノゲン オキシダーゼ
2005	1941378	1941863	148000	147515	1065	f-3	1941390	1941849	78	CcmA	Q	ABC-type multidrug transport system	ABC型多剤輸送系
2006	1942184	1942507	147194	146871	691	f-2	1942184	1942454	32	CstA	T	Carbon starvation protein	炭素飢餓 タンパク質
2007	1942618	1944576	146760	144802	1123	f-1	1942618	1944571	1032	-	C	Aldehyde:ferredoxin oxidoreductase	アルデヒドフェレドキシンオキシンドレダクターゼ
2008	1944729	1945865	144649	143513	1488	f-2	1944729	1945863	697	-	S	Fructose 1,6-bisphosphatase	フルクトース1, 6-ビスホスファターゼ
2009	1945993	1946349	143385	143029	1122	f-1	1946074	1946263	31	BglX	G	Beta-glucosidase-related glycosidases	β -グルコシダーゼ-関連グリコシダーゼ
2010	1947328	1948446	142050	140932	321	f-1	1947346	1948276	98	ArgE	E	Acetylornithine deacetylase/Succinyl-diaminopimelate desuccinylase and related deacylases	アセチルオルニチンデアセチラーゼ/スクシンニルジアミピメル酸デスクシニラーゼ および関連デアシラーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 142/151

2011	1948368	1949834	141010	139544	1066	F-3	1949081	1949766	320	CysH	EH	3'-phosphoadenosine 5'-phosphosulfate sulfotransferase (PAPS reductase)/FAD synthetase and related enzymes COG0175 CysH	3'-ホスホアデニン 5'-ホスホ 硫酸塩 スルホトランスフェラー ゼ (PAPSレダクターゼ)/FAD シンターゼ および 関連酵素 COG0175 CysH
2012	1949788	1951875	139590	137503	1121	F-1	1949938	1951828	691	-	R	Archaeal serine proteases COG0175 CysH	古細菌セリン プロテアーゼ
2013	1951825	1953192	137553	136186	322	F-1	1951831	1953190	555	TldD	R	Predicted Zn-dependent proteases and their inactivated homologs	推定Zn依存性プロテアーゼ お よびその不活性化ホモログ
2014	1953189	1954478	136189	134900	1067	F-3	1953189	1954458	345	TldD	R	Predicted Zn-dependent proteases and their inactivated homologs	推定Zn依存性プロテアーゼ お よびその不活性化ホモログ
2015	1954540	1955208	134838	134170	323	F-1	1954828	1955083	30	PPX1	C	Inorganic pyrophosphatase/exopolyph osphate	無機ピロホスファターゼ/エキソ ポリホスファターゼ
2016	1955253	1957394	134125	131984	1068	F-3	1955337	1957014	271	AmyA	G	Glycosidases (cyclodextrin glucanotransferase)	グリコシダーゼ(シクロデキスト リングルカトランスフェラーゼ)
2017	1957397	1958206	131981	131172	1855	F-3	1957754	1958027	31	AlsD	H	Glutamate-1-semialdehyde aminotransferase	グルタミン酸-1-セミアルデヒド アミノトランスフェラーゼ
2018	1958454	1958975	130924	130403	1487	F-2	1958538	1958862	29	ELP3	K	ELP3 component of the RNA polymerase II complex	RNA ポリメラーゼII 複合体の ELP3 成分
2019	1959384	1959980	129994	129398	1486	F-2	1959423	1959549	29	GCD1	MJ	Nucleoside-diphosphate-sug ar pyrophosphorylases involved in lipopolysaccharide biosynthesis/translation initiation factor eIF2B subunits COG1208 GCD1	リボポリサッカリド合成に関 与するヌクレオシド-ジリン酸- 糖ピロホスホリラーゼ/翻訳 開 始因子eIF2B サブユニット COG1208 GCD1

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 143/151

2020	1959997	1960209	129381	129169	1120	1120	1960015	1960108	26	Smc	D	Chromosome segregation ATPases	染色体分離ATPアーゼ
2021	1961911	1965690	127487	123888	1119	1119	1963837	1964131	36	RluA	J	Pseudouridylate synthases	プノイドウリジル酸 シンターゼ
2022	1962226	1962360	127152	127018	324	324	1962229	1962334	28				
2023	1964567	1964629	124811	124749	692	692							
2024	1965873	1966658	123505	122720	1069	1069	1965879	1966644	381	SgcQ	R	Predicted TIM-barrel enzyme	推定TIM-barrel 酵素
2025	1966899	1969403	122479	119975	1070	1070	1968654	1968987	35	RecB	L	ATP-dependent exoDNAse (exonuclease V) beta subunit (contains helicase and exonuclease domains)	ATP依存性エキソDNAアーゼ (エキソヌクレアーゼ V) β サ ブユニット (ヘリカーゼ および エキソヌクレアーゼ ドメインを 含む)
2026	1969396	1970652	119982	118726	325	325	1969603	1969909	35	AprE	O	Subtilisin-like serine proteases	スブチリシン様セリン プロテア ーゼ
2027	1970804	1971262	118574	118116	693	693	1970918	1971155	40	MazG	R	Predicted pyrophosphatase	推定ピロホスファターゼ
2028	1971328	1971672	118050	117706	326	326	1971481	1971613	37	IIVe	EH	Branched-chain amino acid aminotransferase/4-amino-4-deoxychorismate lyase COG0115 IIVe	分岐鎖 アミノ酸アミトランスフ エラーゼ/4-アミノ/4-デオキシ コリスミ酸リアアーゼ COG0115 IIVe
2029	1971682	1972395	117696	116983	327	327	1971904	1972216	32	MetG	J	Methionyl-tRNA synthetase	メチオニル-tRNA シンセターゼ
2030	1972493	1973851	116885	115527	694	694	1972502	1973849	709	CpsG	G	Phosphomannomutase	ホスホマンノムターゼ
2031	1974299	1975357	115079	114021	1854	1854	1975178	1975346	32	-	S	Uncharacterized BCR	未同定BCR
2032	1975695	1977017	113683	112361	1071	1071	1975734	1976082	30	BacA	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
2033	1976971	1977399	112407	111979	1118	1118	1977055	1977343	31				
2034	1977396	1977704	111982	111674	1485	1485	1977402	1977678	118	ArsR	K	Predicted transcriptional regulators	推定転写レギュレーター
2035	1977819	1978400	111559	110978	1484	1484	1977819	1978377	218	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 144/151

2036	1978397	1978993	110981	110385	1853	1-3	1978406	1978982	263	CoeE	H	Dephospho-CoA kinase	デホスホ-CoA キナーゼ
2037	1978966	1979769	110412	109609	1117	1-1	1978966	1979275	76	-	R	Uncharacterized ATPases of the PP-loop superfamily	PP-ループスーパーファミリーの未同定ATPアーゼ
2038	1979666	1980489	109512	108889	328	1-1	1979929	1980376	134	-	S	Uncharacterized membrane protein	未同定膜タンパク質
2039	1980484	1980942	108894	108436	1116	1-1	1980496	1980937	229	Pyl1	F	Aspartate carbamoyltransferase regulatory subunit	アスパラギン酸カルバモイルトランスフェラーゼ レギュレータリーサブユニット
2040	1980946	1981878	108432	107500	1115	1-1	1980946	1981843	487	PylB	F	Aspartate carbamoyltransferase	アスパラギン酸カルバモイルトランスフェラーゼ
2041	1981986	1982897	107392	106481	1072	1-3	1982367	1982880	159	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
2042	1982894	1983307	106484	106071	695	1-2	1982894	1983305	193	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
2043	1983573	1984325	105805	105053	1483	1-2	1983972	1984284	35	-	R	Predicted metal-binding domain (associated with helicases in Pyrococcus and Mtb)	推定金属結合ドメイン (ピロコッカスにおけるヘリカーゼおよび Mtb と関連)
2044	1984369	1985724	105009	103654	1114	1-1	1984369	1985722	822	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
2045	1985942	1987522	103436	101856	696	1-2	1986548	1986680	33	TehA	P	Tellurite resistance protein and related permeases	亜テリル酸 耐性 タンパク質 および 関連パーミアゼ
2046	1987535	1988848	101843	100530	1852	1-3	1987562	1988771	205	-	R	Uncharacterized ATPases of the AAA superfamily	AAA スーパーファミリーの未同定ATPアーゼ
2047	1988883	1989671	100495	99707	1482	1-2	1988907	1989048	30	CpsG	G	Phosphomannomutase	ホスホマンノムターゼ
2048	1989712	1990701	99666	98677	1113	1-1	1990111	1990284	30	-	R	ATPase components of various ABC-type transport systems	種々のABC型輸送系のATPアーゼ成分
2049	1991043	1992029	98335	97349	1481	1-2	1991049	1991937	223	ThrC	E	Threonine synthase	スレオニン シンターゼ
2050	1992178	1993323	97200	96055	1112	1-1	1992334	1992553	32	-	F	Deoxyguanosine/deoxyadenosine kinase	デオキシグアノシン/デオキシアデノシン キナーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 145/151

2051	1993320	1993928	96058	95450	1480	1-2	1993362	1993914	320	HslV	O	Protease subunit	プロテアソーム プロテアーゼ サブユニット
2052	1993956	1994684	95422	94694	1479	1-2	1993974	1994667	297	FepC	PH	ABC-type cobalamin/Fe3+-siderophores transport systems	ABC型コバラミン/Fe3+-シデロフォア 輸送系
2053	1994681	1995694	94697	93684	1851	1-3	1994681	1995686	301	BtuC	PH	ABC-type cobalamin/Fe3+-siderophores transport systems	ABC型コバラミン/Fe3+-シデロフォア 輸送系
2054	1995731	1997062	93647	92316	1850	1-3	1995761	1997033	280	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
2055	1997062	1999713	92316	89665	1111	1-1	1997062	1998448	284	SbcG	L	ATPase involved in DNA repair	DNA修復に関与するATPアーゼ
2056	1999710	2001092	89668	88286	1478	1-2	1999710	2000895	354	SbcD	L	DNA repair exonuclease	DNA修復 エキソヌクレアーゼ
2057	2001233	2003020	88145	86358	1849	1-3	2001272	2002916	595	-	R	Predicted ATPase	推定ATPアーゼ
2058	2003136	2003711	86242	85667	1073	1-3	2003229	2003700	233	RimI	R	Acetyltransferases	アセチルトランスフェラーゼ
2059	2003696	2004217	85682	85161	697	1-2	2003705	2004215	243	SEN2	J	tRNA splicing endonuclease	tRNA スプライシングエンドヌクレアーゼ
2060	2004220	2004576	85158	84802	1110	1-1	2004421	2004565	31	AcrR	K	Transcriptional regulator	転写レギュレーター
2061	2004890	2004943	84488	84435	698	1-2	-	-	-	-	-	-	-
2062	2005188	2006615	84190	82763	1477	1-2	2005419	2006613	699	BioF	H	7-keto-8-aminopelargolate synthetase and related enzymes	7-ケト-8-アミノペラルゴニン酸 シンセターゼ および 関連酵素
2063	2006536	2009136	82842	80242	329	1-1	2006722	2008342	773	-	L	Inteins	インティン
2064	2009133	2010641	80245	78737	1074	1-3	2009142	2010378	666	HolB	L	ATPase involved in DNA replication	DNA 複製に関与するATPアーゼ
2065	2010697	2012013	78681	77365	330	1-1	2010787	2011984	213	-	R	Uncharacterized ATPases of the AAA superfamily	AAA スーパーファミリーの未同定ATPアーゼ
2066	2012072	2012314	77306	77064	699	1-2	2012099	2012246	34	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
2067	2012311	2012514	77067	76864	1109	1-1	2012377	2012512	66	-	R	Predicted ATPase of the	AAA スーパーファミリーの推定

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 146/151

2068	2012712	2013572	76668	75806	1476	1-2	2012814	2013548	133	-	R	AAA superfamily	ATPアーゼ
2069	2013609	2014661	75769	74717	1475	1-2	2013648	2014656	423	-	R	Predicted ATPase of the AAA superfamily	AAA スーパーファミリーの推定 ATPアーゼ
2070	2014525	2015568	74853	73810	1108	1-1	2014672	2014822	30	NosY	R	Predicted methyltransferase	推定メチルトランスフェラーゼ
2071	2015632	2016584	73746	72814	1107	1-1	2015641	2016559	429	MoA	H	ABC-type transport system involved in multi-copper enzyme maturation	多重銅酵素 成熟に関与する ABC型輸送系
2072	2016684	2017421	72694	71957	1075	1-3	2016699	2017242	41	Smc	D	Molybdenum cofactor biosynthesis enzyme	モリブデン補因子生成 酵素
2073	2017378	2018802	72000	70576	331	1-1	2017378	2018800	704	CafA	J	Chromosome segregation ATPases	染色体分離ATPアーゼ
2074	2019182	2019406	70196	69972	1848	1-3	2019182	2019401	108	AbrB	K	Ribonucleases G and E	リボヌクレアーゼG および E
2075	2019763	2020425	69615	68953	1106	1-1	2019766	2020420	286	RecA	L	Regulators of stationary/spore gene expression	定常期/胞子形成 遺伝子発現 のレギュレーター
2076	2020435	2021076	68943	68302	1105	1-1	2020441	2021074	272	-	R	RecA/RadA recombinase	RecA/RadA リコンビナーゼ
2077	2021157	2021522	68221	67856	1076	1-3	2021199	2021334	35	-	R	Predicted Zn-dependent hydrolases of the beta-lactamase fold	β -ラクタマーゼ フォールドの 推定Zn依存性ヒドロラーゼ
2078	2021495	2022214	67883	67164	700	1-2	2021807	2022128	33	LrgB	M	Predicted GTPases	推定GTPアーゼ
2079	2022269	2023111	67109	66267	701	1-2	2022269	2023103	422	PrsA	FE	Putative effector of murein hydrolase	ムレインヒドロラーゼの推定エフェクター
2080	2025340	2025417	64038	63961	332	1-1						Phosphoribosylpyrophosphate synthetase COG0462 PrsA (ribose phosphate pyrophosphokinase)	ホスホリボシルピロリン酸 シンセターゼ COG0462 PrsA (リボースホスフェートピロホスホキナーゼ)

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 147/151

2081	2028631	2028912	60747	60466	333	f-1	2028631	2028814	32	BaeS	T	Sensory transduction histidine kinases	感覚器 伝達ヒスチジン キナーゼ
2082	2028914	2029489	60464	59889	702	f-2	2028923	2029481	274	-	S	Uncharacterized ACR	未定ACR
2083	2029483	2030094	59895	59284	1104	f-1	2029573	2030032	47	SEC59	I	Dolichol kinase	ドリコールキナーゼ
2084	2030142	2031023	59236	58355	1474	f-2	2030157	2030400	35	FadR	K	Transcriptional regulators	転写レギュレーター
2085	2031138	2032727	58240	56651	1077	f-3	2031147	2032725	770	LysS	J	Lysyl-tRNA synthetase class I	Lysyl-tRNA シンセターゼ クラス I
2086	2032734	2033420	56644	55958	1473	f-2	2032734	2033415	334	SmtA	OR	SAM-dependent methyltransferases COG0500 SmtA	SAM依存性メチルトランスフェラーゼ COG0500 SmtA
2087	2033501	2034466	55877	54912	703	f-2	2033519	2034458	515	-	R	Predicted archaeal sugar kinases	推定古細菌糖 キナーゼ
2088	2034330	2035610	55048	53768	1078	f-3	2034459	2035602	596	-	C	Predicted butyrate kinase	推定酪酸キナーゼ
2089	2035637	2036254	53741	53124	704	f-2	2035670	2036246	336	PorG	C	Pyruvate:ferredoxin oxidoreductase and related 2-oxoacid:ferredoxin oxidoreductases	ピルビン酸:フェレドキシンオキシドレダクターゼおよび 関連2-オキソ酸:フェレドキシンオキシドレダクターゼ
2090	2036331	2036594	53047	52784	1079	f-3	2036331	2036574	124	PhoU	P	Phosphate uptake regulator	リン酸 取り込み レギュレーター
2091	2036609	2037244	52769	52134	705	f-2	2036609	2037239	296	PhoU	P	Phosphate uptake regulator	リン酸 取り込み レギュレーター
2092	2037290	2038219	52088	51159	706	f-2	2037299	2038217	544	-	E	Asparaginase	アスパラギナーゼ
2093	2038219	2039394	51159	49984	334	f-1	2038231	2039368	442	-	-	-	-
2094	2039429	2040040	49949	49338	707	f-2	2039429	2040026	255	-	R	Biotin synthase-related enzyme	ビオチン シンターゼ-関連酵素
2095	2039994	2040326	49384	49052	1080	f-3	2040009	2040312	111	-	R	Biotin synthase-related enzyme	ビオチン シンターゼ-関連酵素
2096	2040316	2040816	49062	48562	1103	f-1	2040316	2040739	45	NrFG	R	TPR-repeat-containing	TPR-リピート含有 タンパク質

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 149/151

2108	2051888	2052298	37490	37080	712	f-2	2051884	2052257	32	-	R	Uncharacterized proteins of PIIT N-term./Vapc superfamily	PIIT N-term./Vapc スーパー ファミリーの未同定タンパク質
2109	2052295	2053014	37083	36364	335	f-1	2052295	2053012	391	-	R	Predicted ATPase (PP-loop superfamily)	推定ATPアーゼ(PP-ループス スーパーファミリー)
2110	2053125	2053190	36253	36188	1082	f-3							
2111	2055992	2057146	33386	32232	1846	f-3	2055992	2057141	554				
2112	2057204	2057467	32174	31911	1845	f-3	2057216	2057441	53	-	S	Predicted membrane protein	推定膜タンパク質
2113	2057477	2058655	31901	30723	1844	f-3	2057486	2058653	561	AvrA	E	PLP-dependent aminotransferases	PLP依存性アミノトランスフェラ ーゼ
2114	2058742	2059149	30636	30229	1098	f-1	2058769	2059132	89	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
2115	2059310	2059501	30068	29877	713	f-2	2059310	2059427	59	-	K	Predicted transcriptional regulators containing the CopG/Arc/MetJ	CopG/Arc/MetJ DNA結合 ドメ インを含む推定転写レギュレー ター
2116	2059560	2060801	29818	28577	1083	f-3	2059560	2060775	454	FtsZ	D	Cell division GTPase	細胞分裂 GTPアーゼ
2117	2060819	2061598	28559	27780	714	f-2	2060828	2061596	420	Sqj	D	ATPases involved in chromosome partitioning	染色体分画化に関与するATP アーゼ
2118	2061501	2061911	27877	27467	1084	f-3	2061690	2061861	32	-	R	WD40 repeat protein	WD40 リピート タンパク質
2119	2061997	2062446	27381	26932	1097	f-1	2062012	2062444	222	TagD	MI	Cytidyllyltransferase COG0615 TagD	シチジルリトランスフェラーゼ COG0615 TagD
2120	2062448	2062966	26930	26412	1843	f-3	2062448	2062964	292	-	J	PUA domain (predicted RNA-binding domain)	PUA ドメイン (推定RNA結合 ドメイン)
2121	2062966	2063607	26412	25771	1096	f-1	2062981	2063593	312	PyrF	F	Orotidine-5'-phosphate decarboxylase	オロチジン-5'-リン酸デカルボ キシルラーゼ
2122	2063612	2064214	25766	25164	1842	f-3	2063678	2063858	35	DeoR	K	Transcriptional regulator	転写レギュレーター
2123	2064280	2065428	25098	23950	1095	f-1	2064280	2065423	566	INO1	I	Myo-inositol-1-phosphate synthase	ミオイノシトール-1-リン酸 シン ターゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 150/151

2124	2065471	2066778	23907	22600	1094	1094	311	-	M	Predicted sugar nucleotidyltransferases	推定糖ヌクレオチジルトランスフェラーゼ
2125	2066863	2067558	22515	21820	336	336	320	-	R	Predicted ATPases of PP-loop superfamily	推定ATPアーゼ of PP-ループスーパーファミリー
2126	2067623	2068384	21755	20994	715	715	355	CcmA	Q	ABC-type multidrug transport system	ABC型多剤輸送系
2127	2068384	2068383	20994	19540	337	337	140	-	R	Predicted permease	推定パーミアーズ
2128	2069828	2070184	19550	19194	1841	1841	176	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
2129	2070189	2070728	19189	18650	1471	1471	238	-	F	ADP-ribosyl pyrophosphatase	ADP-リボースピロホスファターゼ
2130	2070778	2071599	18600	17779	1093	1093	124	RbsK	G	Sugar kinases	糖キナーゼ
2131	2071722	2072069	17656	17309	1085	1085	130	GAR1	J	rRNA-binding protein involved in rRNA processing	rRNAプロセシングに関与するRNA結合タンパク質
2132	2072066	2072986	17312	16392	716	716	343	SUA7	K	Transcription initiation factor IIB	転写開始因子IIB
2133	2073002	2073490	16376	15888	717	717	145	-	R	Predicted phosphoesterase	推定ホスホエステラーゼ
2134	2073534	2073737	15844	15641	1470	1470	114	HHT1	L	Histones H3 and H4 (Histon A&B)	ヒストンH3 および H4(ヒストンAおよびB)
2135	2074012	2075424	15368	13954	338	338	649	RbcL	G	Ribulose 1	リブローースI
2136	2075557	2076162	13821	13216	339	339	224	-	K	Predicted transcriptional regulators	推定転写レギュレーター
2137	2076199	2076411	13179	12967	1092	1092	113	RPS17A	J	Ribosomal protein S17E	リボソームタンパク質 S17E
2138	2076528	2076959	12850	12419	1086	1086	182	-	S	Uncharacterized ArCR	未同定ArCR
2139	2076986	2077663	12392	11715	718	718	351	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
2140	2077703	2078152	11675	11226	719	719	31	CcmC	O	ABC-type transport system involved in cytochrome c biogenesis	シトクロムc 生合成に関与するABC型輸送系
2141	2078164	2078964	11214	10414	1091	1091	275	SpIB	L	DNA repair photolyase	DNA修復 ホトリアーゼ

Thermococcus kodakaraensis KOD1 のゲノムに含まれる遺伝子の説明 151/151

2142	2079001	2080026	10377	9352	1090	r-1	2079019	2080021	335	NrG	R	TPR-repeat-containing proteins	TPR-リピート含有 タンパク質
2143	2080319	2082169	9059	7209	720	f-2	2080319	2082164	1008	NrD	F	Oxygen-sensitive ribonucleoside-triphosphate reductase	酸素感受性 リボヌクレオシド-三リン酸レダクターゼ
2144	2082376	2082897	7002	6481	340	f-1	2082376	2082874	194	PrA	O	Pyruvate-formate lyase-activating enzyme	ピルビン酸-蟻酸塩 リアーゼ活性化 酵素
2145	2082919	2083284	6459	6094	1089	r-1	2082925	2083282	171	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
2146	2083288	2084007	6090	5371	1088	r-1	2083288	2083987	359	Cof	R	Predicted hydrolases of the HAD superfamily	HAD スーパーファミリーの推定ヒドrolラーゼ
2147	2084057	2085316	5321	4062	1840	r-3	2084090	2085308	503	-	S	Uncharacterized ACR	未同定ACR
2148	2085470	2087110	3908	2268	721	f-2	2085470	2087042	899	GroL	O	Chaperonin GroEL (HSP60 family)(Chaperonin B)	シャペロニンGroEL (HSP60 ファミリー)(シャペロニンB)
2149	2087216	2088568	2162	810	1839	r-3	2087216	2088566	753	Sun	J	tRNA and rRNA cytosine-C5-methylases	tRNA および rRNA シトシン-C5-メチラーゼ
2150	2088670	2088921	708	457	341	f-1	2088691	2088823	30	FlA	K	DNA-directed RNA polymerase specialized sigma subunit	DNA指向性RNA ポリメラーゼ特異的 σ サブユニット
2151	2088905	2089378	473	0	722	f-2	2088911	2089364	73	-	R	Predicted nucleic acid-binding protein	推定核酸結合 タンパク質

表 2 において、読み枠に記載されている、f-1～f-3 は、センス鎖でのオープンリーディングフレームを示し、r-1～r-3 は、アンチセンス鎖でのオープンリーディングフレームを示す。分類において、J は、翻訳、リボソーム構造、生物発生に関連するポリペプチドを示し；K は、転写に関連するポリペプチ

ドを示し；Lは、DNA複製、組換え、修復に関連するポリペプチドを示し；Dは細胞分裂、染色体分画化に関連するポリペプチドを示し；Oは、翻訳後修飾、タンパク質代謝回転、シャペロンに関連するポリペプチドを示し；Mは細胞エンベロープ生物発生、外膜に関連するポリペプチドを示し；Nは細胞運動性、分泌に関連するポリペプチドを示し；Pは無機イオン輸送、代謝に関連するポリペプチドを示し；Tはシグナル伝達機構に関連するポリペプチドを示し；Cはエネルギー産生、変換に関連するポリペプチドを示し；Gは、炭水化物輸送、代謝に関連するポリペプチドを示し；Eはアミノ酸輸送、代謝に関連するポリペプチドを示し；Fはヌクレオチド輸送、代謝に関連するポリペプチドを示し；Hは補酵素代謝に関連するポリペプチドを示し；Iは脂質代謝に関連するポリペプチドを示し；Qは二次代謝産物生合成、輸送、異化に関連するポリペプチドを示し；Rは一般的な機能予測のみのポリペプチドを示し；そして、Sは機能未知のポリペプチドを示す。分類は暫定的であり、2以上の分類が当てはまることもあることからその場合は両方の文字が記載されている。

【0143】

本明細書において引用された、科学文献、特許、特許出願などの参考文献は、その全体が、各々具体的に記載されたのと同じ程度に本明細書において参考として援用される。

【0144】

以上、本発明を、理解の容易のために好ましい実施形態を示して説明してきた。以下に、実施例に基づいて本発明を説明するが、上述の説明および以下の実施例は、例示の目的のみに提供され、本発明を限定する目的で提供したのではない。従って、本発明の範囲は、本明細書に具体的に記載された実施形態にも実施例にも限定されず、特許請求の範囲によってのみ限定される。

【0145】

【実施例】

以下の実施例は、例示であって、本発明を限定しないことが意図される。

【0146】

(実施例1：ゲノム配列決定)

(KOD-1株の染色体DNAの調製)

KOD-1株を、Appl. Environ. Microbiol. 60 (12), 4559-4566 (1994) に記載の 0.5×2216 マリンブローズ培地 (2216 マリンブローズ: 18.7 g/L 、PIPES 3.48 g/L 、 $\text{CaCl}_2 \cdot \text{H}_2\text{O}$ 0.725 g/L 、 0.4 mL 0.2% レザズリン、 475 mL 人工海水 (NaCl 28.16 g/L 、 KCl 0.7 g/L 、 $\text{MgCl}_2 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$ 5.5 g/L 、 $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 6.9 g/L)、蒸留水 500 mL 、 $\text{pH} 7.0$) $1,000 \text{ mL}$ に接種して、 2 リットルの発酵槽を用いて培養した。培養に際しては、発酵槽内を窒素ガスで置換し、同ガスで内圧を 0.1 Kg/cm^2 に維持した。培養は、温度 $85 \pm 1^\circ\text{C}$ にて 14 時間培養した。なお、培養は静置培養で実施し、培養中窒素ガスの通気および攪拌は行わなかった。培養終了後、培養液 (約 $1,000 \text{ mL}$) を $10,000 \text{ rpm}$ で 10 分間遠心分離することにより菌体を回収した。

【0147】

得られた菌体 1 g を 10 mL の A 溶液 (50 mM Tris-HCl、 50 mM EDTA、 $\text{pH} 8.0$) に懸濁し、遠心分離 ($8,000 \text{ rpm}$ 、 5 分間、 4°C) により集菌後、 3 mL の 15% ショ糖を含む A 溶液に懸濁し、 37°C にて 30 分間保温後、 1% N-ラウリルサルコシンを含む A 溶液 3 mL を添加した。この液にさらに 5.4 g の塩化セシウムおよび 10 mg/mL の臭化エチジウム溶液 $300 \mu\text{L}$ を添加し、 $55,000 \text{ rpm}$ 、 16 時間、 18°C にて超遠心分離を行い、染色体 DNA を分画した。得られた染色体 DNA 画分から n -ブタノール抽出により臭化エチジウムを除去後、TE 溶液 (10 mM Tris-HCl ($\text{pH} 8.0$)、 0.1 mM EDTA) に対して一夜透析し、染色体 DNA を得た。

【0148】

(染色体ライブラリーのスクリーニング/配列の解析)

ゲノム配列の決定は、一般的に行われているボトムダウンアプローチに準じて行った。その概要は以下のとおりである。まず、単離された DNA を断片化し、pUC などのクローニングベクター中にクローニングした。次に、クローニング

された断片をショットガン配列決定を行って配列決定した。これにより 400-500 b p の断片の配列が決定された。この配列決定は、1 M b p あたりおよそ 15000 個行った。各々決定された配列をアセンブルしてコンティグと称する一群の配列が判明する。この後、コンティグの間のギャップ（物理的ギャップおよび配列ギャップ）をクローニングして、ギャップの配列を決定しギャップを埋めた。その後、塩基配列データの解析を行い、オープンリーディングフレームを同定しアノテーション（a n n o t a t i o n）を行った。より詳細には以下のとおりに行った。

【0149】

第一に、ゲノムライブラリーを構築した。ここでは、遺伝子配列による偏りを防ぐために、制限酵素を用いた部分消化法ではなく、物理的な切断を行った。この際、複数の長さのライブラリーを構築した。ここでは、2-3 k b p の断片を含むプラスミドライブラリーおよび約 20 k b p の λ フェージライブラリーを構築した。

【0150】

第二に、プラスミドライブラリーのショットガン配列決定を行った。配列決定は、A p p l i e d B i o s y s t e m s から市販される配列決定装置を用いた。ここで、配列決定は、400-500 b p の塩基配列を約 150000 個／1 M b p 得るように行った。同様に、 λ フェージライブラリーの末端ショットガン配列決定をも行った。これで理論上はゲノム全長を 6 回以上配列決定する計算になる。

【0151】

第三に、ショットガン配列決定によって得られた塩基配列データ（約 2 M b p のゲノムに対して約 4 万個のデータ）をアセンブルしてギャップを埋める作業を行った。この際に、長い断片からなる λ フェージライブラリーの末端配列データを用いて、各領域の相対的位置および向きを決定した。この作業の後に得られたものは通常コンティグと呼ばれる配列である。本実施例では、多数のコンティグが得られた。その間の配列未決定領域（ギャップ）を埋める作業を行った。コンティグとコンティグとの間のギャップをまたぐような断片が同定されている場合

、そのギャップは配列ギャップ (sequence gap) と呼び、まだそのような断片がクローニングされていない場合はそのギャップは、物理ギャップ (Physical gap) と呼ぶ。この物理ギャップを埋める作業は、LA-PCRなどの増幅および塩基配列決定などの操作によって行った。これにより、ほぼすべての配列データがひとつのコンティグ内に収まり、配列決定作業を終了した。

【0152】

第四に、配列データの解析を行った。オープンリーディングフレーム (ORF) の同定およびそれらのアノテーションを行った。この作業では、Hidden Markovモデル (HMM) およびInterpolated Markovモデル (GLIMMER) などのプログラムを用いることによりORFの同定を行った。その後は、各々のORFのBLAST、BLASTXおよびFASTAなどの検索を行って機能を同定した。この後、遺伝学的および生化学的な解析を行った (Fraser C. M. , Res Microbiol. , 151, 79-84 (2000) ; Fraser C. M. et al. , , Nature, 406, 799-803 (2000) ; Nelson et al. , Nat Biotechnol. , 18, 1049-1054 (2000) ; Kawabayashi Y. et al. ; DNA Res. , 6, 83-101, 145-222 (1999) などを参照)。

【0153】

以上のようにして決定した核酸配列は配列番号1 (配列番号1、342および723はプラス (センス) 鎖、配列番号1087、1469および1838はマイナス (アンチセンス) 鎖) に示される配列であった。

【0154】

(各遺伝子の機能分析)

次いで、各遺伝子のアミノ酸配列をソフトウェアDNASIS、BLAST、およびCLUSTAL Wを使用して、EMBL、PDBなどのデータベースに登録されている公知のタンパク質のアミノ酸配列と比較した。この結果、種々のポリペプチドのアミノ酸配列との高い相同性が見出されたことから、それらの各

遺伝子の機能が推定 (infer) された (上記表2を参照)。

【0155】

(実施例2: ターゲティング (ダブルクロスオーバー破壊))

(菌株および増殖条件)

T. kodakaraensis KOD1およびその誘導体は、リッチ増殖培地 (ASW-YT) またはアミノ酸含有合成培地 (ASW-AA) 中で85℃で厳密な嫌気性条件下で培養した。ASW-YT培地は、人工海水を1.25倍に希釈し (ASW×0.8) たものに、5.0g/L イーストエキストラクト、5.0g/L トリプトン、および0.2g/L 硫黄元素 (pH 6.6) を含む。ASWの組成は以下のとおりである: NaCl 20g; MgCl₂·6H₂O 3g; MgSO₄·7H₂O 6g; (NH₄)₂SO₄ 1g; NaHCO₃ 0.2g; CaCl₂·2H₂O 0.3g; KCl 0.5g; NaBr 0.05g; SrCl₂·6H₂O 0.02g; およびFe(NH₄) クエン酸 0.01g。ASW-AA培地は、0.8×ASWに5.0ml/L 改変Wolfe微量鉍物 (0.5g MnSO₄·2H₂O; 0.1g CoCl₂; 0.1g ZnSO₄; 0.01g CuSO₄·5H₂O; 0.01g AlK(SO₄)₂; 0.01g H₃BO₃; および0.01g NaMoO₄·2H₂Oを1L中に含む)、5.0ml/Lのビタミン混合物 (以下の文献を参照)、20種のアミノ酸 (250mg システイン·HCl; 75mg アラニン; 125mg アルギニン·HCl; 100mg アスパラギン·H₂O; 50mg アスパラギン酸; 50mg グルタミン、200mg グルタミン酸; 200mg グリシン; 100mg ヒスチジン·HCl·H₂O; 100mg イソロイシン; 100mg ロイシン; 100mg リジン·HCl; 75mg メチオニン; 75mg フェニルアラニン; 125mg プロリン; 75mg セリン; 100mg スレオニン; 75mg トリプトファン; 100mg チロシン; および50mg バリンを1L中に含む) ならびに0.2g/L 硫黄元素 (pHはNaOHで6.9に調整した) を補充したものである (Robb, F. T., and A. R. Place. 1995. Media for Thermophiles, p. 167-168. In F. T. Robb and A. R. Place (ed.) Archaea: a laboratory manual-Thermophiles. Cold Spring

Harbor Press, Cold Spring Harbor, N. Y.)。必要に応じて、5-FOA (和光純薬、大阪、日本) およびウラシル (興人、東京、日本) をASW-AA培地に、Robbに記載されるような濃度で添加した。トリプトファン栄養要求性を調べるために、トリプトファン欠損ASW-AA, ASW-AAW-を用いた。培地中の溶解酸素を減らすために、5.0% $\text{Na}_2\text{S} \cdot 9\text{H}_2\text{O}$ を、リザズリンナトリウム塩 (1.0 mg/L) の色がなくなるまで加えた。プレート培養の場合、1.0% (w/v) ゲルライト (Gelrite) (和光純薬) を加えて、培地を、硫黄元素および5.0% $\text{Na}_2\text{S} \cdot 9\text{H}_2\text{O}$ 溶液の代わりに2.0 ml/L ポリスルフィド溶液 (10 g $\text{Na}_2\text{S} \cdot 9\text{H}_2\text{O}$ および3.0 gの硫黄元素/15 ml) で固化させた。細胞は、嫌気性のチャンバ (エスベック (Tabai Espec) 大阪) 中で85℃でインキュベートした。

【0156】

DNA操作一般のために使用したE. coli株であるDH5 α は、LB培地 (Sambrook, J., and D. Russel. 2001. Molecular cloning: a laboratory manual, 3rd edn. Cold Spring Harbor Press, Cold Spring Harbor, N. Y.) でルーチンで培養し、そして50 $\mu\text{g}/\text{ml}$ アンピシリンを必要に応じて補充した。

【0157】

(UV照射での変異誘発および5-FOA耐性変異体の単離)

T. kodakaraensis KOD1は、2.0 LのASW-AA液体培地で39時間にわたり培養した。定常期の細胞を、遠心分離 (6,000 $\times g$, 30分) で採集した。以下の手順を嫌気性チャンバにおいて嫌气的に行った。細胞を、60 mlのASW中に再懸濁し (3/10.0容積)、そして懸濁物の一部 (10 ml) をペリルディッシュに入れた。攪拌しながら、その懸濁物を15 W殺菌ランプから20 cmの距離で適切な時間 (0秒、30秒、60秒、90秒および120秒) UV照射した。アリコート (200 μl) を、0.75% 5-FOAを含むASW-AAプレート培地に広げ、ウラシル栄養要求性 (Pyr-) 変異体をドミナントスクリーニ

ングした。得られた変異体の増殖を支持するために $10 \mu\text{g}/\text{ml}$ ウラシルを含めた。この細胞を、 85°C で5日間インキュベートした。生存細胞数を、細胞懸濁物を適切な希釈率で5-FOAを含まないASW-AAプレート培地に播種し、形成されるコロニーを計数することによって判定した。

【0158】

5-FOA耐性コロニーを分離し、ASW-YT液体培地中で培養した。増殖した細胞を2日間ASW-AA液体培地中でインキュベートしてウラシルの持込を除き、さらに、 $5 \mu\text{g}/\text{ml}$ ウラシルを添加したかまたは添加しないASW-AA液体培地中に継代培養して、分離体のウラシルの栄養要求性を調べた。

【0159】

(酵素アッセイ)

T. kodakaraensis KOD1およびその変異体株の無細胞抽出物を以下のように調製した。細胞を、ASW-YT液体培地中で20時間培養し、遠心分離で採取 ($6,000 \times g$, 30分) し、そして1/1000容積のTriton X-100を0.1%含む50mM Tris-HCl (pH 7.5) 中で溶解した。ボルテックスで10分間混合後、遠心分離 ($3,000 \times g$, 20分間) 後の上清を無細胞抽出物として用いた。タンパク質濃度をBio-Rad Protein Assay System (Bio-Rad, Hercules, CA, USA) を用い、標準としてウシ血清アルブミンを用いて決定した。

【0160】

オロチジン-5'-モノホスフェートデカルボキシラーゼ (OMPdecase, PyrF) 活性は、オロチジン-5'-モノホスフェート (OMP) のウリジン-5'-モノホスフェート (UMP) への変換に由来する285nmでの吸光度の減少 ($\text{De}_{285} = 1,380 \text{ M}^{-1}\text{cm}^{-1}$) をモニターすることによって決定した (Beckwith, J. R., A. B. Pardee, R. Austrian, and F. Jacob. 1962. Coordination of the synthesis of the enzymes in the pyrimidine pathway of *E. coli*. *J. Mol. Biol.* 5: 618-634.)。アッセイ混合物は、総容量1ml中、100mM Tris-HCl (pH 8.6)、1.5mM MgCl_2 、0.125mM OMP、

および酵素溶液から構成される。キャップしたキュベット中でこの混合物を 85℃で5分間予備インキュベートした後、この反応、酵素溶液を添加することによって開始し、そして10分間同じ温度でモニターした。

【0161】

オロチン酸ホスホリボシルトランスフェラーゼ (OPRTase, PyrE) 活性は、295 nmでオロチン酸を分光光度学的に測定することによってアッセイした。pyrE⁺株からの酵素サンプルを測定するとき、反応産物OMPの内因性OMPデカーゼによる連続的な脱カルボキシル化を考慮しなければならない。OMPデカーゼ活性は、T. kodakaraensisにおけるOPRTアーゼ活性よりも高いことから、OPRTアーゼ活性は、3,670 M⁻¹cm⁻¹のDe295で性格に決定され得る。これは、オロチン酸からOMPを経てUMPへと変換されることに対応する。pyrF⁻株の場合、本発明者らは、2,520 M⁻¹cm⁻¹のDe295で開始基質からOMPへの変換をモニターした。この反応を、Tris-HCl (pH 8.6), 1.5 mM MgCl₂, 0.125 mM オロチン酸, 無細胞抽出物および1.6 mM 5-ホスホリボシルピロホスフェート (PRPP) を含む1 ml 混合物中で行った。このPRPPを含まないアッセイ混合物はキャップしたキュベット中にあり、85℃で10分間予備インキュベートし、そしてその反応を、PRPPの添加により開始した。A₂₉₅における減少は、同じ温度で3分間にわたり測定した。

【0162】

(DNA操作および配列決定)

一般的なDNA操作は、Sambrook and Russellに記載されるように行った (Sambrook, J., and D. Russell. 2001. Molecular cloning: a laboratory manual, 3rd edn. Cold Spring Harbor Press, ColdSpring Harbor, N. Y.)。T. kodakaraensis のゲノムDNAは、上述のように単離した。PCRは、KOD-Plus- (東洋紡、大阪、日本) をDNAポリメラーゼとして用いて行った。PCRのために使用したプライマーの配列は、以下に示される。必要に応じてPCRによって増幅したDNAフラグメントは、T4キナーゼ (東洋紡) によってリン酸化した。制限酵素および改変酵素は、寶酒造 (京都、日本) または東洋紡から購入した。アガロースゲル電気泳動後のDNAフラグメントを回収し、

そしてGFX PCR DNAおよびGel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia Biotech, Uppsala, Sweden)で精製した。プラスミドDNAは、Qiagen Plasmid Kits (Qiagen, Hilden, Germany)を用いて単離した。DNA配列決定は、ABI PRISMキットおよびモデル3100キャピラリー配列決定機(Applied Biosystems, Foster City, CA, USA)を用いて行った。

【0163】

(pUDTおよびpUDT2の構築)

2つの破壊ベクターpUDT1 (配列番号2158) およびpUDT2 (配列番号2159) を、*T. kodakaraensis*における、シングルクロスオーバー事象およびダブルクロスオーバー事象のそれぞれの相同組み換えのために構築した。構築は以下のとおりである。Tk-py rFを含むDNAフラグメント(676bp)を以下のプライマーTK1-DUR/TK1-DUFを用いて*T. kodakaraensis* KOD1ゲノムDNAから増幅した:

TK1-DUR/TK1-DUF: 5' -GGGCATATGGAGGAGAGCAGGCTCATTCTGGCG-3' (配列番号2160) / 5' -CTGAGGGGGTGTTTGACTTTCAA-3' (配列番号2161)、ここで下線付き配列は、NdeI部位を示す。

【0164】

推定プロモーター領域(130bp)は、プライマーTK2-DPR/TK2-DPFで増幅した:

TK2-DPR/TK2-DPF: 5' -GGGCTGCAGCCGCAACGCCGATTTTGCTCACCCGAAAA-3' (配列番号2162) / 5' -GGGCATATGCATCACCTTTTAAACGGCCCTCTCCAAGAG-3' (配列番号2163)、ここで下線付き配列は、PstIおよびNdeI部位をそれぞれ表す。

【0165】

両方のフラグメントを、適切なプロモーターpy rF方向でpUC118中にサブクローニングした。得られたプラスミドを、pUD(3,944)と命名した。Tk-trpEの短縮フラグメント(788bp)を、以下のプライマーTK3-DTR/TK3-DTFを用いて増幅した:

TK3-DTR/TK3-DTF: 5' -GGGGCATGCGGTGGCTT CGTTGGCTACGTCTCCTACG-3' (配列

番号 2164) /5' -GGGCTGCAGTTCGGGGCTCCGGTTAGTGTTCCCGCCG-3' (配列番号 2165)、下線付き配列は、SphI および Pst I の部位をそれぞれ示す。ついで、これを、pUD と SphI および Pst 部位で連結して、pUDT1 を (4732 bp) 得た。

【0166】

pUDT2 を構築するために、Tk-trpE およびフランキング領域を含むフラグメント (2223 bp) を以下のプライマー TK4-DT2R/TK4-DT2F を用いて増幅した:

TK4-DT2R/TK4-DT2F: 5' -GGGGTCGACCGGG TCTGGCGAGGGCAATGAGGGAC-3' (配列番号 2166) /5' -GGGGAATTCGGTTATAGTGTTTCGGAACGACCTTCACTC-3' (配列番号 2167)、下線付き配列は、それぞれ SalI 部位および EcoRI 部位を示す)。これをついで、pUC119 中に SalI および EcoRI 部位でサブクロニングした。得られたプラスミドは、pUT4 (5,340 bp) と命名した。pUD は PvuII で消化し、ついで pyrF およびその推定プロモーター領域 (1104 bp) を含むフラグメントを単離した。pUDT2 (6,012 bp) は、pUT4 内のこの単離されたフラグメントを、Tk-trpE 中の平滑 SacI 部位に挿入することによって得た。

【0167】

T. kodakaraensis における相同組換えのための直鎖状 DNA フラグメントは、PCR で pUDT2 をテンプレートとして調製し、そしてアガロースゲル電気泳動後に精製した。

【0168】

(T. kodakaraensis の形質転換) Methanococcus voltae PS のための塩化カルシウム法 (Bertani, G., and L. Baresi. 1987. Genetic transformation in the methanogen Methanococcus voltae PS. J. Bacteriol. 169:2730-2738.) を、T. kodakaraensis の形質転換のために改変した。T. kodakaraensis KU25 は、ASW-YT 液体培地で 12 時間培養し、そして細胞を、3 ml ブロスから対数増殖期後期で採取し (17,000 × g、5 分)、200 μl の形質転換緩衝液 (カルシウムカチオンとリン酸基との

間の沈降現象を避けるために KH_2PO_4 を含まない $0.8\times$ 改変ASW中の 80 mM CaCl_2) ($1/15$ 容積)中に再懸濁した。これを、 30 分間氷上で維持した。ついで、 $3\text{ }\mu\text{g}$ のDNAをTE緩衝液に溶解し、これをその懸濁液に加えた。そして細胞を氷上で 1 時間インキュベートし、続いて 45 秒間 85°C で熱ショックを与え、さらに、氷上で 10 分間インキュベートした。コントロール実験として、等容積のTE緩衝液を、DNA溶液のかわりに細胞に加えた。処理した細胞を、 20 ml のASW-AA液体培地中で、ウラシルの非存在下で 2 世代培養して Pyr^+ 形質転換体をスクリーニングしそして濃縮した。ついで、この細胞を、ウラシルを含まないASW-AAプレート培養物中に広げ、そして 85°C で $5-8$ 日インキュベートした。得られた Pyr^+ 株は、コロニーPCRおよびDIG-DNA標識および検出キット (Boehringer Mannheim, Mannheim, ドイツ)を用いたサザンハイブリダイゼーションを行って分析した。

【0169】

(実験手順)

ダブルターゲティング破壊では、環状DNA分子を用いてダブルクロスオーバー破壊を用いた遺伝子のターゲティング破壊を行った。その模式図を図1に示す。

【0170】

(破壊ベクターの作製)

(KOD1の調製)

上述のようにKOD-1株を調製した。

【0171】

(形質転換および相同的組換え)

上述のように形質転換したKOD-1株は、ASW-AAで維持した。この際、KOD-1株は、持込ウラシルによって増殖する。

【0172】

次に、このKOD-1株を新鮮なアミノ酸液体培地に植え継いだ。新鮮なアミノ酸液体培地において増殖するものは、相同的組換えが起こった Pyr^+ 株のみであることから、これにより、相同的組換えが起こったものについてのスクリ

ーニングおよび濃縮が行われたことになる。

【0173】

次に、増殖した株を、ASW-AAに植え継いだ。次にこの固体培地上で増殖したコロニーをコロニーPCRおよびサザンブロット分析で確認した。その手順を以下に示す。

【0174】

反応混合物：2.5ユニット KODポリメラーゼ（東洋紡） 0.5 μ l；
10×KODポリメラーゼ緩衝液（東洋紡） 5.0 μ l；25mM MgCl₂
4.0 μ l；dNTP混合物 4.0 μ l；20 pmol/ μ l プライマー1
0.5 μ l；20 pmol/ μ l プライマー2 0.5 μ l；滅菌水 37.
0 μ l；細胞懸濁液 0.5 μ l。この反応混合物を以下の反応条件で行った：9
6℃2分間；96℃30秒、55℃3秒、72℃30秒を30サイクル；72℃
を3分間。

【0175】

コロニーPCRおよびサザンブロット分析を行ったところ、以下の結果が得られた。

【0176】

【表3】 ダブルクロスオーバーによる遺伝子ターゲティング破壊

【表3】 ダブルクロスオーバーによる遺伝子ターゲティング破壊

	コントロール	形質転換体 1	形質転換体 2
CaCl ₂	+	+	+
DNA	TE緩衝液	pUDT2	pUDT2
持ち込みウラシル 存在下でのアミノ 酸液体培地中での 増殖	増殖せず	増殖	増殖
T/C	入手不可	12/12	5/12
総T/C	入手不可	17/24	

T/Cは、目的の形質転換体/コロニーPCRにより検討したクローン数（す

なわち、P y r F⁺株)を意味する。

【0177】

上記結果のように、環状分子を用いたダブルクロスオーバーによる遺伝子のターゲティング破壊は非常に高率で進むことがわかった。

【0178】

(実施例3：ダブルクロスオーバー破壊の例：線状DNAを用いた場合)

次に、線状DNA分子を用いたダブルクロスオーバー破壊の例を示す。

【0179】

(破壊ベクターの作製)

線状の破壊ベクターとして図2に示すような線状DNA分子L i n e a r DNAを調製した。L i n e a r DNAは、実施例2において作製したp U D T 2をテンプレートとして、適切なプライマーを用いて増幅することにより得た。

【0180】

(K O D 1の調製)

実施例2に記載のようにK O D - 1株を調製した。

【0181】

(形質転換および相同的組換え)

調製したK O D - 1株を塩化カルシウム法によりL i n e a r DNAを用いて形質転換した。形質転換したK O D - 1株は、A S W - A Aで維持した。この際、K O D - 1株は、持込ウラシルによって増殖する。

【0182】

次に、このK O D - 1株を新鮮なアミノ酸液体培地に植え継いだ。新鮮なアミノ酸液体培地において増殖するものは、相同的組換えが起こったP y r F⁺株のみであることから、これにより、相同的組換えが起こったものについてのスクリーニングおよび濃縮が行われたことになる。

【0183】

次に、増殖した株をA S W - A Aに植え継いだ。次にこの固体培地上で増殖したコロニーをコロニーP C Rおよびサザンブロット分析で確認した。その手順を以下に示す。

【0184】

コロニーPCRおよびサザンブロットは上述のように行った。

【0185】

このように分析した結果、以下の結果が得られた。

【0186】

【表4】 ダブルクロスオーバーによる遺伝子ターゲティング破壊

【表4】 ダブルクロスオーバーによる遺伝子ターゲティング破壊

	コントロール	形質転換体 3	形質転換体 4
CaCl ₂	+	+	+
DNA	TE 緩衝液	Linear DNA	Linear DNA
持ち込みウラシル 存在下でのアミノ 酸液体培地中での 増殖	増殖せず	増殖	増殖
T/C	入手不可	7/12	0/12
総T/C	入手不可	7/24	

T/Cは、目的の形質転換体/コロニーPCRにより検討したクローン数（すなわち、PyrF⁺株）を意味する。

【0187】

上記結果のように、線状分子を用いたダブルクロスオーバーによる遺伝子のターゲティング破壊は環状分子に比べて低率ではあるが、それでも十分に高率で進むことがわかった。環状分子より低い原因としては、宿主由来のヌクレアーゼによる切断などが考えられる。

【0188】

また、上記結果に続き、線状DNAの場合に好ましい長さを調べたところ、両末端にそれぞれ少なくとも500塩基ずつあれば、約5%以上の確率でターゲティング破壊が進み、両末端に少なくとも1000塩基ずつあれば、約20%以上の確率でターゲティング破壊が進んでいたことも確認した。従って、線状分子を

使用した場合のターゲティング破壊では、少なくとも500塩基、好ましくは少なくとも1000塩基の核酸配列が両端に必要であることがわかる。

【0189】

(実施例4：ダブルクロスオーバー破壊の例：他の遺伝子)

上述の遺伝子以外の遺伝子（例えば、配列番号395（トリプトファンシンターゼ）をコードする配列）を選択してトリプトファン栄養要求性をもとに同様の実験を行ったところ、同じようなターゲティング破壊を行うことができた。

【0190】

(実施例5：シングルクロスオーバー破壊)

次にシングルクロスオーバー破壊システムを用い環状分子を用いた場合の遺伝子のターゲティング破壊を行った。その模式図を図3に示す。pUDT1（配列番号2158）は上述のように作製した。

【0191】

(KOD1の調製)

実施例2に記載のようにKOD-1株を調製した。

【0192】

(形質転換および相同時的組換え)

調製したKOD-1株を塩化カルシウム法により形質転換した。形質転換したKOD-1株は、ASW-AAで維持した。この際、KOD-1株は、持込ウラシルによって増殖する。

【0193】

次に、このKOD-1株を新鮮なアミノ酸液体培地に植え継いだ。新鮮なアミノ酸液体培地において増殖するものは、Py r F+株のみであることから、これにより、相同時的組換えが起こったものについてのスクリーニングおよび濃縮が行われたことになる。

【0194】

次に、増殖した株を、ASW-AAに植え継いだ。次にこの固体培地上で増殖したコロニーをコロニーPCRおよびサザンブロット分析で確認した。その手順を以下に示す。

【0195】

コロニーPCRは、およびサザンブロット分析は、上述のように行った。。

【0196】

このように分析した結果、以下の結果が得られた。

【0197】

【表5】 シングルクロスオーバーによる遺伝子ターゲティング破壊

【表5】 シングルクロスオーバーによる遺伝子ターゲティング破壊

	コントロール	形質転換体 5	形質転換体 6
CaCl ₂	+	+	+
DNA	TE緩衝液	pUDT1	pUDT1
持ち込みウラシル 存在下でのアミノ 酸液体培地中での 増殖	増殖せず	増殖	増殖
T/C	入手不可	1/96	2/96
総T/C	入手不可	3/192	

T/Cは、目的の形質転換体/コロニーPCRにより検討したクローン数（すなわち、PyrF⁺株）を意味する。

【0198】

上記結果のように、環状分子を用いたシングルクロスオーバーによる遺伝子のターゲティング破壊は、ダブルクロスオーバーによる遺伝子ターゲティング破壊よりもはるかに低い確率で進むことがわかった。シングルクロスオーバーによる効率がダブルクロスオーバーによる効率よりも低い理由としては、宿主由来の制限酵素によるpUDT1の切断などが考えられる。

【0199】

このように、本発明は、シングル破壊の系でも機能することが実証された。また、線状分子を用いた場合でも、シングル破壊の系は環状分子よりもはるかに低率であるが機能することが判明した。

【0200】

(実施例6：シングルクロスオーバー破壊の例：他の遺伝子)

実施例4と同様の遺伝子をシングルクロスオーバー破壊で行ったところ、実施例5と同様に効率はよくないが破壊することができることが判明した。

【0201】

(実施例7：DNAリガーゼ遺伝子の発現)

ATP依存性DNAリガーゼを*Escherichia coli*内で発現させるためには、以下のようなプロトコルを使用した。本発明において同定されたDNAリガーゼ(例えば、配列番号1131)の配列を含む、上記ファージクローンのフラグメントを鋳型として2種類のDNAリガーゼコード領域のフラグメントを得、これをpUC18に挿入した。挿入フラグメントのヌクレオチド配列を確認し、このプラスミドからDNAリガーゼを含むフラグメントをプラスミドpET21a(Novagen)に挿入して、プラスミドを構築した。発現および活性の確認は以下のように実施した。

【0202】

上記のプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21(DE3)株を形質転換する。出現するアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン($50\mu\text{g}/\text{ml}$)を含有するNZCYM培地(1%NZアミン、0.5%NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2%MgSO₄·7H₂O(pH7))に接種し、37℃でOD₆₆₀が0.3になるまで培養し、次いでイソプロピル-β-D-チオガラクトピラノシド(IPTG、0.1mM)を添加し、さらに37℃で培養を継続する。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより可溶性画分を回収し、次いで70℃で10分間熱処理する。熱安定性可溶性画分を遠心分離することにより試料を得た。この試料をさらに周知の種々の精製方法またはその組み合わせを使用してさらに精製し得る。

【0203】

酵素活性は、λファージDNAのHindIII消化物に得られた試料を作用させた後、反応物をアガロースゲル電気泳動し、DNAフラグメントの移動度の

変化を観察する方法、または ^{32}P で標識したオリゴdTに得られた試料を作用させ、未反応の ^{32}P をアルカリホスファターゼで除去し、次いで放射活性を測定する方法などによって測定される (Rossi, R.ら, (1997) *Nucleic Acids Research*, 25 (11): 2106-2113; Odell, M.ら, (1996) *Virology* 221: 120-129; Srisukanda, V.ら, (1998) *Nucleic Acids Research*, 26 (20): 4618-4625; Takahashi, M.ら, (1984) *The Journal of Biological Chemistry*, 259 (16): 10041-10047) を参照のこと)。

【0204】

(実施例 8: 蟻酸脱水素酵素の発現および確認)

蟻酸脱水素酵素 (デヒドロゲナーゼ) は、蟻酸イオンを CO_2 に酸化する反応を触媒する酵素である。その反応は式 $\text{HCOO}^- + \text{NAD}^+ \rightleftharpoons \text{CO}_2 + \text{NADH}$ で表される。ここで、NAD (ニコチンアミドアデニンジヌクレオチド; 還元型はNADH) は、酸化還元酵素反応に関与する補酵素の1つである。

【0205】

蟻酸脱水素酵素活性は、例えば、電子受容体として NADP^+ (340 nm、 $\epsilon = 6.22 \times 10^3$)、メチルビオロゲン (600 nm、 $\epsilon = 1.13 \times 10^4$)、またはベンジルビオロゲン (605 nm、 $\epsilon = 1.47 \times 10^4$) を用いて測定される (Andreesen, J. R.ら (1974) *J. Bacteriol.*, 120: 6-14)。

【0206】

公知の蟻酸脱水素酵素には、 α サブユニットのみからなるホモ二量体、 α および β サブユニットからなるヘテロ二量体および四量体、ならびに α 、 β 、および γ サブユニットからなる十二量体などがある。

【0207】

本発明の蟻酸脱水素酵素は単一または複数のサブユニットからなり得る。好ましくは、本発明の蟻酸脱水素酵素は2種類以上のサブユニットからなる。

【0208】

(耐熱性蟻酸脱水素酵素の発現)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされる蟻酸脱水素酵素（配列番号305、673、1050および1051）を*Escherichia coli*内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a（+）（Novagen）に挿入して、プラスミドpET21a/fdhABを得た。このプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21（DE3）株を形質転換した。

【0209】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン（50 μ g/ml）を含有するNZCYM培地（1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2%MgSO₄・7H₂O（pH7））に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピルーβ-D-チオガラクトピラノシド（IPTG、0.1 mM）を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0210】

この粗酵素液を蟻酸脱水素酵素活性を常法（Andreesen, J. R. (1974) J. Bacteriol., 120:6-14）に従って測定したところ、蟻酸脱水素酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0211】

(実施例9：超耐熱性β-グリコシダーゼ)

β-グリコシダーゼは、β-グリコシド結合を加水分解する酵素群の総称である。β-グリコシダーゼには例えば、β-グルコシダーゼ、β-ガラクトシダーゼ、β-マンノシダーゼ、β-フルクトシダーゼなどが含まれる。

【0212】

β -グリコシダーゼの一種である β -ガラクトシダーゼは、 β -D-ガラクトシドを加水分解してD-ガラクトースを生成する酵素である。 β -ガラクトシダーゼのラクトース（グルコース- β -D-ガラクトシド）をグルコースとガラクトースとに分解する能力は、牛乳中のラクトースを処理して低ラクトース乳を生産するために利用されている。この目的のためには、酵素を牛乳中に添加する方法に加えて、固定化酵素の利用も検討されている。一般に、固定化酵素として利用される酵素は、使用される反応条件（pH、温度など）において高い活性を示し、そして構造的に安定性であることが好ましい。

【0213】

本明細書では、 β -ガラクトシダーゼは、 β -D-ガラクトシドを加水分解してD-ガラクトースを生成する酵素であり、系統名 β -D-ガラクトシドガラクトヒドロラーゼを有するものをいう。本発明の β -グリコシダーゼは、 β -ガラクトシダーゼ活性に加えて、 β -グルコシダーゼ、 β -マンノシダーゼおよび／または β -キシロシダーゼ活性を有し得る。本発明の β -グリコシダーゼは、オリゴ糖を加水分解する活性に加えて転移活性を有し得る。

【0214】

（ β -グリコシダーゼの発現）

上述の実施例と同様の方法を用いて β -グリコシダーゼ（配列番号1122）を発現させた。出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン（50 μ g / ml）を含有するNZCYM培地（1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2%MgSO₄・7H₂O（pH7））に接種し、37℃でOD660が0.5になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド（IPTG、0.1 mM）を添加し、さらに37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより可溶性画分を回収し、次いで85℃30分間熱処理した。熱安定性可溶性画分を遠心分離することにより得られた試料を濃縮した後、これをドデシル硫酸ナトリウムポリアクリルアミドゲル電気泳動（SDS-PAGE）に供したところ、予想された分

子量のバンドが検出され、このバンドはIPTGの誘導後の時間とともに増加した。

【0215】

上記の熱処理した試料を使用して本発明の β -グリコシダーゼの酵素化学的性質を検討した。酵素活性の測定方法については、Pisani, F. M. ら、Eur. J. Biochem., 187, 321-328 (1990)を参照のこと。1分間当たり $1\mu\text{mol}$ のp-ニトロフェノールを遊離させる酵素活性を1Uとした。

【0216】

本発明の β -グリコシダーゼの至適pHを調べた。反応は、酵素 $1.5\mu\text{g}/\text{ml}$ を含む各種緩衝液中で 2.8mM pNp- β -グルコピラノシドを基質として 75°C で実施した。使用した緩衝液はリン酸ナトリウム緩衝液(pH 6~8)、クエン酸緩衝液(pH 4~6)、ホウ酸緩衝液(pH 8~9)、グリシン緩衝液(pH 8.5~10)であった(データ示さず)。この結果は、本発明の β -グリコシダーゼが約6.5に至適pHを有することを示す。

【0217】

本発明の β -グリコシダーゼの至適温度を調べた。反応は、酵素 $1.5\mu\text{g}/\text{ml}$ を含む 50mM リン酸ナトリウム緩衝液(pH 6.5)中で 2.8mM pNp- β -グルコピラノシドを基質として各種温度で実施した(データ示さず)。この結果は、本発明の β -グリコシダーゼが約 100°C に至適温度を有することを示す。また、この結果を用いて、アレニウスプロットを実施したところ、 75°C ($1/T \times 10^3 = 2.87$) の付近で直線の傾きが変化していることが判明した。式 $k = Ae^{-E/RT}$ (ここで、 k は反応速度定数、 E は活性化エネルギー、 R は気体定数、 T は絶対温度、 A は頻度因子である) にこの結果を当てはめると、 $25\sim 75^\circ\text{C}$ の範囲では $E = 53.4\text{kJ}/\text{mol}$ であり、そして $75\sim 100^\circ\text{C}$ の範囲では $E = 17.7\text{kJ}/\text{mol}$ であると算出された。

【0218】

本発明の β -グリコシダーゼの熱安定性を調べた。上記試料を 90°C または1

00℃で各種時間インキュベートした後、酵素活性を、酵素1.5 $\mu\text{g}/\text{ml}$ を含む50 mMリン酸ナトリウム緩衝液(pH 6.5)中で2.8 mM pNp- β -グルコピラノシドを基質として80℃で測定した(データ示さず)。この結果は、本発明の β -グリコシダーゼが、90℃および100℃において、それぞれ約18時間および約1時間を有することを示す。同様の実験を110℃において実施したところ、この酵素は約15分間で失活した。

【0219】

本発明の β -グリコシダーゼの基質特異性を調べた。2.8 mMの各種基質に対する活性を、酵素1.5 $\mu\text{g}/\text{ml}$ を含む50 mMリン酸ナトリウム緩衝液(pH 6.5)中で80℃で測定したところ、本発明の β -グリコシダーゼが、高い β -グルコシダーゼ活性を有し、そして β -マンノシダーゼ、 β -グルコシダーゼおよび β -キシロシダーゼ活性も有することを示す。

【0220】

これら4つの酵素としての反応速度定数を、3.0 $\mu\text{g}/\text{ml}$ の酵素の、0.28 mM~5.6 mMの濃度の基質に対する活性を測定して得たところ、基質としての各々2 mMのオリゴ糖(β -ラクトース、セロビオース、セロトリオース、セロテトラオースおよびセロペンタオース)ならびに酵素1.5 $\mu\text{g}/\text{ml}$ を含む50 mMリン酸ナトリウム緩衝液(pH 6.5)を、80℃で7時間インキュベートした。次いでこの反応液を薄層クロマトグラフィー(TLC)にかけた(データ示さず)。 β -ラクトース以外のレーンには、グルコースのスポットが観察された。4糖であるセロテトラオースは3糖および1糖にそして5糖であるセロペンタオースは4糖および1糖にそれぞれ分解された。この結果は本発明の β -グリコシダーゼがエキソ型の加水分解活性を有することを示す。

【0221】

各々5 mMのセロビオース、セロトリオース、セロテトラオースおよびセロペンタオースならびに酵素3 $\mu\text{g}/\text{ml}$ を含む50 mMリン酸ナトリウム緩衝液(pH 6.5)を、80℃で4時間インキュベートした。また同様の反応系においてセロテトラオースを0、1、2、4および7時間インキュベートした。次いでこの反応液を薄層クロマトグラフィー(TLC)にかけた。セロビオース、

セロトリオース、セロテトラオースならびにセロペンタオースはそれぞれ2糖、3糖、4糖および5糖であるが、基質としてのこれらの糖より大きなスポットが反応後に観察された。この結果は、本発明の β -グリコシダーゼがエキソ型の糖分解活性に加えて糖転移活性も有することを示す（ただし、この反応条件においては、反応時間とともにグルコースおよびセロビオースが増加し、このことは、この条件下では転移反応よりも加水分解が経時的に進行したことを示す）。すなわち、本発明の β -グリコシダーゼは、セロビオースがマンノースに β -結合したオリゴ糖など、任意の組み合わせの β -結合を有するオリゴ糖の合成に応用され得る。

【0222】

（実施例10：超耐熱性キチナーゼ）

キチンはムコ多糖の一種であり、 β -ポリ-N-アセチルグルコサミンの構造を有する。キチンは、節足動物、軟体動物、甲殻類、昆虫類、菌類、細菌などの細胞壁物質として天然に多量に存在するキチナーゼはキチンを加水分解する酵素であり、カタツムリの胃液、昆虫の脱皮液、果実の果皮、微生物などにおいて見出されている。この酵素は、キチンの β -1, 4結合を加水分解してN-アセチルグルコサミンを生成する酵素であり、系統名ポリ(1, 4- β -(2-アセトアミド-2-デオキシ-D-グルコシド))グリカノヒドロラーゼを有する。

【0223】

キチナーゼは、上記のように自然界に多量に存在するキチンを、微生物などにより利用可能な形態に分解する目的において工業的に有用であり得る。また、キチナーゼは、植物においては、本来病原菌に対する防御機構における役割を果たしていると考えられているので、この酵素をコードする遺伝子を導入することによる、耐病性植物の開発が試みられている。

【0224】

（超耐熱性キチナーゼの発現）

上述の実施例に記載されるように、超耐熱性キチナーゼ（配列番号991）を発現させた。出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン（50 μ g/ml）を含有するNZCYM培地（1%NZアミン、0.5% NaCl、0.

5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2%MgSO₄・7H₂O (pH7)) に接種し、37℃でOD₆₆₀ が0.3になるまで培養し、次いでイソプロピルーβ-D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより可溶性画分を回収し、次いで70℃10分間熱処理した。熱安定性可溶性画分を遠心分離することにより得られた試料をドデシル硫酸ナトリウムポリアクリルアミドゲル電気泳動 (SDS-PAGE) に供したところ、予想された約130 kDaのバンドが検出された。

【0225】

上記の熱処理した試料を、硫酸沈澱 (40%飽和)、陰イオン交換カラム (HiTrap Q)、ゲル濾過カラム、および陰イオン交換カラム (Mono Q) を使用して、SDS-PAGEで単一バンドとして観察されるまで精製した。

【0226】

酵素活性を、「キチン・キトサン実験マニュアル」 (キチン・キトサン研究会編、技報堂出版) に記載の方法に従ってコロイダルキチンを基質として測定した。1分間当たり1 μmolのN-アセチルグルコサミンに相当する還元糖を生成する酵素量を1Uとした。

【0227】

基質となるコロイダルキチンを以下の手順で調製した。キチン (和光純薬工業) 10gを、85%リン酸500mlに溶解して-4℃で24時間攪拌した。この粘ちょうな液体を、10倍量の脱イオン水に攪拌しながら添加した。遠心分離によって沈澱を得、これを脱イオン水でpHが5.0以上になるまで繰り返し洗浄した。NaOHでpHを7.0に調整し、次いでさらに1回脱イオン水で洗浄した。これを少量の水に溶解し、オートクレーブした。

【0228】

本発明の超耐熱性キチナーゼの至適温度を、上記精製酵素の活性を、50mMリン酸ナトリウム (pH 7.0) 中で、60分間、種々の温度で測定することにより決定した。反応は氷冷により停止した (データ示さず)。本発明の超耐熱

性キチナーゼは、約 80℃ に至適温度を有することが示された。

【0229】

本発明の超耐熱性キチナーゼの至適 pH を、上記精製酵素の活性を、80℃で、60分間、以下の緩衝液を使用して種々の pH で測定することにより決定した：50mM クエン酸水素 2 ナトリウム-HCl (pH 2.5~4.0)；50mM 酢酸ナトリウム (pH 4.0~5.5)；50mM MES-NaOH (pH 5.5~7.0)；50mM Tris-HCl (pH 7.0~9.0)；50mM グリシン-NaOH (pH 9.0~10.0)。反応は氷冷により停止した。結果を図 5 に示す。本発明の超耐熱性キチナーゼは、約 4.0 に至適 pH を有することが示された。さらに、pH 8.0 付近においても、ピークが観察された。

【0230】

本発明の超耐熱性キチナーゼの活性に対する塩の影響を、上記精製酵素の活性を、種々の濃度の塩 (NaCl または KCl) を添加した 50mM リン酸ナトリウム (pH 7.0) 中で、120分間、80℃で測定することにより検討した。反応は氷冷により停止した (データ示さず)。本発明の超耐熱性キチナーゼの活性は、塩の添加とともに上昇し、特に KCl の添加により約 2 倍まで上昇した。

【0231】

本発明の超耐熱性キチナーゼのオリゴ糖およびコロイダルキチンに対する作用を検討した。使用したオリゴ糖は、N-アセチル-D-グルコサミン (G1)、ジ-N-アセチル-キトビオース (G2)、トリ-N-アセチル-キトトリオース (G3)、テトラ-N-アセチル-キトテトラオース (G4)、ペンタ-N-アセチル-キトペンタオース (G5)、およびヘキサ-N-アセチル-キトヘキサオース (G6) である。0.7mg の各々のオリゴ糖、70mM 酢酸ナトリウム緩衝液 (pH 6.0)、200mM KCl、および精製酵素 (G1~G3 については 0.9μg、G4~G6 については 1.8μg) を含む 50μl の反応液を、80℃でインキュベートし、そして 0、5、15、30、60、または 120 分でサンプリングした。コロイダルキチンについては、0.16mg のコロ

イダルキチン、50 mM酢酸ナトリウム緩衝液 (pH 5.0)、および0.6 μ gの精製酵素を含む1 mlの反応液を、80°Cでインキュベートし、そして1.5、3.0、および4.5時間でサンプリングし、遠心分離により20倍濃縮した。次いで、これらを、以下のようにTLCに供した。Kieselgel 60 silica gel plate (Merck社)にサンプリングした液をスポットし、展開液 (n-ブタノール:メタノール:25%アンモニア溶液:水=5:4:2:1)を使用して展開した。展開後、プレートを乾燥させ、これに発色試薬 (アニリン4 ml、ジフェニルアミン4 g、アセトン200 ml、85%リン酸30 mlを混合して調製した)を噴霧し、そしてこれを180°Cで約5分間加熱して、発色させた (データ示さず)。

【0232】

これらの結果から、本発明の超耐熱性キチナーゼは、二糖以下の基質には分解作用を示さず、そしてキチンを基質とした場合に、主要生成物として二糖のキトビオースを生成することが示された。

【0233】

本発明の超耐熱性キチナーゼの4-メチルウンベリフェロン (4-MU) オリゴ糖に対する作用を検討した。GlcNAc-4-MU、GlcNAc 2-4-MU、またはGlcNAc 3-4-MU (0.01 mM) 10 μ l、100 mM酢酸緩衝液 (pH 5.0) 990 μ l、および精製酵素20 μ l (18 ng)を80°Cでインキュベートした。0、5、15、30、45、60、または180分で100 μ lの反応液をサンプリングし、これを900 μ lの氷冷100 mMグリシン-NaOH (pH 11)に添加して反応を停止した。この試料の350 nmにおける励起光および440 nmにおける蛍光を分光蛍光光度計を使用して測定した (データ示さず)。この結果、各々の基質に対する反応速度を決定した。

【0234】

二糖の誘導体に対する反応速度と、三糖の誘導体に対する反応速度とを比較することによって、酵素の切断様式がエンド型であるかまたはエキソ型であるかを予測し得ることが報告されており (Robbins, P. W., J. Bi

o l. Chem., 263 (1), 443-447 (1988))、ここで二糖の誘導体に対する反応速度がより大きい場合には、その酵素がエキソ型であると予測され、一方三糖の誘導体に対する反応速度がより大きい場合には、その酵素がエンド型であると予測される。この記載に基づけば、本発明の超耐熱性キチナーゼは、エンド型であると判断される。

【0235】

本発明の超耐熱性キチナーゼの各々のドメインが有する機能を、種々の欠失変異体を作製することにより検討した。欠失変異体 Pk-ChiA Δ 1 (第1の *Bacillus circulans* キチナーゼ相同領域および2つのセルロース結合ドメインを含む)、Pk-ChiA Δ 2 (第4の *Streptomyces erythraeus* キチナーゼ相同領域および2つのセルロース結合ドメインを含む)、Pk-ChiA Δ 3 (第1の *Bacillus circulans* キチナーゼ相同領域を含む)、ならびに Pk-ChiA Δ 4 (第4の *Streptomyces erythraeus* キチナーゼ相同領域を含む) を以前の報告) (特開平11-313688) のように作製した。

【0236】

各々のプラスミドを保有する *E. coli* 形質転換株の培養物から、70℃ 10分間の熱処理によって、粗酵素液を得た。この粗酵素液を、コロイダルキチンプレート (0.5%コロイダルキチン、1.5%寒天) にスポットし、そしてこれをインキュベートすることによって、その活性を検討した (データ示さず)。第1のキチナーゼ相同領域のみを有する欠失変異体はわずかな活性を示し、第4のキチナーゼ相同領域のみを有する欠失変異体はほとんど活性を示さなかった。いずれかのキチナーゼ相同領域および2つのセルロース結合ドメインを有する欠失変異体は、いずれも高い活性を示した。

【0237】

欠失変異体 Pk-ChiA Δ 2 および Pk-ChiA Δ 4 の粗酵素液 30 μ l を、30 μ l の 1%コロイダルキチンと混合し、そして70℃で1時間インキュベートした。次いで、反応液を遠心分離し、上清、およびコロイダルキチンを含む沈澱を得、沈澱については沈澱を 50 mMリン酸ナトリウム (pH 7.0) で

2回洗浄し、そしてこれらをSDS-PAGEに供した（データ示さず）。これらの結果は、2つのセルロース結合ドメインがキチンとの結合およびキチナーゼ活性に必要とされることを示す。

【0238】

（実施例11：超耐熱性リブロースビスリン酸カルボキシラーゼ）

リブロースビスリン酸カルボキシラーゼは、光合成反応を触媒する酵素であり、植物の葉緑体中および光合成能を有する微生物などに存在する。高等植物などのリブロースビスリン酸カルボキシラーゼは、大サブユニット8個および小サブユニット8個からなる巨大分子であり（タイプI）、植物においては葉の主要な可溶性タンパク質である。一方、細菌などの微生物のリブロースビスリン酸カルボキシラーゼは、小サブユニットのみからなる（タイプII）。

【0239】

リブロースビスリン酸カルボキシラーゼは、植物の分類上のマーカーとして利用されており、例えば、細胞融合における細胞のマーカーとして利用されている。さらに地球環境の改善の観点からは、リブロースビスリン酸カルボキシラーゼ遺伝子を改変して、大気中のCO₂の固定化能を上昇させた植物を育種するなどの試みがなされようとしている。同様に光合成細菌の育種または光合成能を有するデバイスの開発なども意図され得る。このような目的において、より高い酵素活性を有し、かつ構造的に安定なリブロースビスリン酸カルボキシラーゼをコードする遺伝子が有用である。

【0240】

本明細書において、リブロースビスリン酸カルボキシラーゼとは、リブロースリン酸にCO₂を付加して2分子の3-ホスホグリセリン酸を生成する酵素をいう。さらにリブロースビスリン酸カルボキシラーゼはO₂存在下において、リブロースリン酸にO₂を付加して2-ホスホグリコール酸および3-ホスホグリセリン酸を生成する活性（オキシゲナーゼ活性）を有する。

【0241】

（超耐熱性リブロースビスリン酸カルボキシラーゼの発現）

上述の実施例において記載される方法に従って、PCR法を用いて超耐熱性リ

ブロースビスリン酸カルボキシラーゼ（配列番号 338）を発現させた。出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン（ $50 \mu\text{g}/\text{ml}$ ）を含有する NZCYM 培地（1% NZ アミン、0.5% NaCl、0.5% イーストエキス、0.1% カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ （pH 7））に接種し、 37°C で OD 660 が 0.5 になるまで培養し、次いでイソプロピルー β -D-チオガラクトピラノシド（IPTG、0.1 mM）を添加し、さらに 37°C で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、100 mM ビシン/KOH（pH 8.3）/10 mM MgCl_2 中で超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより可溶性画分を回収し、次いで 85°C 30 分間熱処理した。熱安定性可溶性画分を遠心分離することにより得られた試料を濃縮した後、これをドデシル硫酸ナトリウムポリアクリルアミドゲル電気泳動（SDS-PAGE）に供したところ、予想された分子量のバンドが検出され、このバンドは IPTG の誘導後の時間とともに増加した（データ示さず）。

【0242】

上記の熱安定性可溶性画分を遠心分離することにより得られた試料を、陰イオン交換カラム Resource Q（Amersham Pharmacia Biotech, Uppsala, Sweden）、およびゲル濾過カラム Superdex 200 HR 10/30（Amersham Pharmacia Biotech, Uppsala, Sweden）を用いてさらに精製し、SDS-PAGE により単一バンドであることを確認した（データ示さず）。

【0243】

精製は、AKTA explorer 10S（Amersham Pharmacia Biotech, Uppsala, Sweden）を使用して実施した。陰イオン交換カラムについては、分離を、100 mM ビシン/KOH（pH 8.3）/10 mM MgCl_2 の緩衝液に対する、0～1.0 M NaCl のグラジエントを使用して実施した。ゲル濾過については、50 mM リン酸ナトリウム/0.15 M NaCl 緩衝液を使用した。

【0244】

ゲル濾過を使用した解析によって、発現された酵素は、ラージサブユニットのみの 8 量体を形成していることが示唆された。

【0245】

上記の精製した試料のカルボキシラーゼ活性を、D-リブローズ 1, 5-ビスホスフェート (RuBP) (Sigma) を基質として、Uemura, K. ら、Plant Cell Physiol., 37 (3), 325-331 (1996) に記載の方法に従って測定した。

【0246】

まず、本発明の超耐熱性リブローズビスリン酸カルボキシラーゼの至適 pH を調べた。反応は、クエン酸緩衝液 (pH 5.6)、リン酸ナトリウム緩衝液 (pH 6.3)、ピシン緩衝液 (pH 7.3、7.8、8.0 もしくは 8.3)、またはグリシン緩衝液 (pH 9.1 もしくは 10.1) および 10 mM MgCl₂ を含有する緩衝液中で 30 mM RuBP を基質として各種温度で実施し、1 分間当たり 1 mg 当たり 1 μ mol の CO₂ を固定する活性を 1 U とした。pH 8.3 における活性に対する割合としての結果を表した。この結果は、本発明の超耐熱性リブローズビスリン酸カルボキシラーゼが約 8.3 の至適 pH を有することを示す。

【0247】

本発明の超耐熱性リブローズビスリン酸カルボキシラーゼの至適温度を調べた。反応は、100 mM ピシン-KOH (pH 8.3) および 10 mM MgCl₂ を含有する緩衝液中で 30 mM RuBP を基質として各種温度で実施した (データ示さず)。本発明の超耐熱性リブローズビスリン酸カルボキシラーゼは約 90°C に至適温度を有することが示された。

【0248】

本発明の超耐熱性リブローズビスリン酸カルボキシラーゼの耐熱性を調べた。精製酵素を 80°C および 100°C で種々の時間インキュベートした後の残存活性を測定した (データ示さず)。本発明の超耐熱性リブローズビスリン酸カルボキシラーゼは 80°C において約 15 時間の半減期を有することが示された。

【0249】

本発明の超耐熱性リブロースリン酸カルボキシラーゼのカルボキシラーゼ活性およびオキシゲナーゼ活性を 50℃～90℃で測定した。さらに、カルボキシラーゼ活性／オキシゲナーゼ活性比である τ 値を算出した (E z a k i ら、J. B i o l. C h e m. (J B i o l C h e m. 1999 Feb 19 ; 274 (8) : 5078-82) を参照のこと)。

【0250】

大気中の二酸化炭素濃度の上昇から、地球温暖化などの環境問題が生じている。この問題の解決策として、炭酸固定反応を触媒するリブロースリン酸カルボキシラーゼが注目されている。ここで、大気中の酸素濃度対二酸化炭素濃度の比率は約 20 : 0.03 であり、酸素が圧倒的に多い。従って、上記のような目的のためには、カルボキシラーゼ反応に対する高い特異性、すなわち大きな τ 値が必要とされる。KOD-1 株由来の酵素は、従来のタイプ II の酵素の τ 値 (約 30～200) およびタイプ I の酵素の τ 値 (約 10) に比較して、高い τ 値を有しているので、より効率的な炭酸固定への応用が期待される。

【0251】

(実施例 12 : フルクトース 1, 6-ビスホスフェートアルドラーゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるフルクトース 1, 6-ビスホスフェートアルドラーゼ (配列番号 1275) を *E s c h e r i c h i a c o l i* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれ PCR を用いて増幅し、プラスミド pET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *E s c h e r i c h i a c o l i* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0252】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン (50 μ g/ml) を含有する NZCYM 培地 (1% NZ アミン、0.5% NaCl、0.5% イーストエキス、0.1% カザミノ酸、0.2% $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ (pH 7)) に接種し、37℃で OD660 が 0.4 になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さら

に4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0253】

この粗酵素液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店（1982）に記載の方法に従って測定したところ、フルクトース1,6-ビスホスフェートアルドラーゼ活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0254】

（実施例13：グリセロールキナーゼ）

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるグリセロールキナーゼ（配列番号1646）を*Escherichia coli*内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a（+）（Novagen）に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21（DE3）株を形質転換した。

【0255】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン（50 μ g/ml）を含有するNZCYM培地（1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ （pH7））に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド（IPTG、0.1 mM）を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0256】

この粗酵素液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店（1982）に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0257】

（実施例14：グルタメートデヒドロゲナーゼ）

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるグルタメートデヒドロゲナーゼ（配列番号1239および1637）を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a（+）（Novagen）に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21（DE3）株を形質転換した。

【0258】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン（50 μ g/ml）を含有するNZCYM培地（1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ （pH7））に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド（IPTG、0.1 mM）を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0259】

この粗酵素液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店（1982）に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0260】

（実施例15：ピルベートキナーゼ）

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるピ

ルベートキナーゼ（配列番号1776）を*Escherichia coli*内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a（+）（Novagen）に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21（DE3）株を形質転換した。

【0261】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン（50 μ g/ml）を含有するNZCYM培地（1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2%MgSO₄・7H₂O（pH7））に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド（IPTG、0.1 mM）を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0262】

この粗酵素液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店（1982）に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0263】

（実施例16：エノラーゼ）

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるエノラーゼ（配列番号681）を*Escherichia coli*内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a（+）（Novagen）に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21（DE3）株を形質転換した。

【0264】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH7)) に接種し、 37°C でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間 37°C で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を 80°C で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0265】

この粗酵素液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店 (1982) に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、 90°C に至適温度を有していた。

【0266】

(実施例17: フルクトース1, 6-ビスホスファターゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるフルクトース1, 6-ビスホスファターゼ (配列番号1488) を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0267】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH7)) に接種し、 37°C でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さら

に4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0268】

この粗酵素液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店（1982）に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0269】

（実施例18：ヒドロゲナーゼ）

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるヒドロゲナーゼ（各サブユニットは、配列番号1141、1142、1502および1503）を*Escherichia coli*内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a（+）（Novagen）に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21（DE3）株を形質転換した。

【0270】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン（50 μ g/ml）を含有するNZCYM培地（1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2%MgSO₄・7H₂O（pH7））に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド（IPTG、0.1 mM）を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0271】

この粗酵素液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店（19

82)に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0272】

(実施例19: β -グリコシダーゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされる β -グリコシダーゼ(配列番号990)を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミド pET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0273】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン (50 μ g/ml) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ (pH7)) に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0274】

この粗酵素液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店 (1982) に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0275】

(実施例20: α -アミラーゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされる α -アミラーゼ(配列番号268)を *Escherichia coli* 内で発現

させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0276】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH7)) に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0277】

この粗酵素液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店 (1982) に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0278】

(実施例21：デアセチラーゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるデアセチラーゼ (配列番号1190) を*Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0279】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有する NZCYM 培地 (1% NZ アミン、0.5% NaCl、0.5% イーストエキス、0.1% カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH 7)) に接種し、 37°C で OD 660 が 0.4 になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに 4 時間 37°C で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を 80°C で 15 分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0280】

この粗酵素液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店 (1982) に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、 90°C に至適温度を有していた。

【0281】

(実施例 22: シクロデキストリングルカノトランスフェラーゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるシクロデキストリングルカノトランスフェラーゼ (配列番号 1068) を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれ PCR を用いて増幅し、プラスミド pET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0282】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有する NZCYM 培地 (1% NZ アミン、0.5% NaCl、0.5% イーストエキス、0.1% カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH 7)) に接種し、 37°C で OD 660 が 0.4 になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに 4 時間 37°C で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、

超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を 80℃で 15 分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0283】

この粗酵素液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店（1982）に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0284】

（実施例 23：4- α -D-グルカノトランスフェラーゼ）

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされる 4- α -D-グルカノトランスフェラーゼ（配列番号 1185）を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれ PCR を用いて増幅し、プラスミド pET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0285】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン (50 μ g/ml) を含有する NZCYM 培地 (1% NZ アミン、0.5% NaCl、0.5% イーストエキス、0.1% カザミノ酸、0.2% $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ (pH 7)) に接種し、37℃で OD660 が 0.4 になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに 4 時間 37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を 80℃で 15 分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0286】

この粗酵素液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店（1982）に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、こ

の酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0287】

(実施例24:DNAポリメラーゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるDNAポリメラーゼ(配列番号2、93、379、648、649、743、1386、1740、1830)を*Escherichia coli*内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a(+) (Novagen)に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21(DE3)株を形質転換した。

【0288】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン(50 μ g/ml)を含有するNZCYM培地(1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ (pH7))に接種し、37℃でOD660が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド(IPTG、0.1 mM)を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0289】

この粗酵素液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店(1982)に記載の方法に従って測定したところ、上記おのおのの配列について酵素活性が確認された。また、この酵素は、上記おのおのの配列について90℃に至適温度を有していた。

【0290】

(実施例25:ホーミングエンドヌクレアーゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるホ

ーミングエンドヌクレアーゼ（配列番号2）を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミド pET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0291】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH7)) に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0292】

この粗酵素液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店 (1982) に記載のエンドヌクレアーゼアッセイに準じた方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0293】

(実施例26:ヒストン)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるヒストン（配列番号173、1470、1962など）を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミド pET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21 (

DE3) 株を形質転換した。

【0294】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH7)) に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗タンパク質溶液とした。

【0295】

この粗タンパク質溶液を基質として丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店 (1982) に記載のヒストンキナーゼを用いた方法に従って測定したところ、基質としての活性が確認された。また、このタンパク質は、90℃でも安定であった。

【0296】

(実施例27：ヒストンA&B)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるヒストンA&B (配列番号1470、1962) を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0297】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH7)) に

接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗タンパク質溶液とした。

【0298】

この粗タンパク質溶液を基質として丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店 (1982) に記載のヒストンキナーゼを用いた方法に従って測定したところ、基質としての活性が確認された。また、このタンパク質は、90℃でも安定であった。

【0299】

(実施例28: Recタンパク質)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされる Recタンパク質 (配列番号1106) を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミド pET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0300】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン (50 μ g/ml) を含有するNZCYM培地 (1% NZアミン、0.5% NaCl、0.5% イーストエキス、0.1% カザミノ酸、0.2% $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ (pH7)) に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、こ

れを粗タンパク質溶液とした。

【0301】

この粗タンパク質溶液を基質として *Methods in Enzymology* 262 (1995) に記載される方法にしたがって測定したところ、このタンパク質としての活性が確認された。また、このタンパク質は、90℃でも安定であった。

【0302】

(実施例 29: O⁶-メチルグアニン DNAメチルトランスフェラーゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされる O⁶-メチルグアニン DNAメチルトランスフェラーゼ (配列番号 1034) を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれ PCR を用いて増幅し、プラスミド pET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0303】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン (50 μ g/ml) を含有する NZCYM 培地 (1% NZ アミン、0.5% NaCl、0.5% イーストエキス、0.1% カザミノ酸、0.2% MgSO₄ · 7H₂O (pH 7)) に接種し、37℃ で OD₆₆₀ が 0.4 になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに 4 時間 37℃ で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を 80℃ で 15 分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0304】

この粗酵素液を *Methods in Enzymology* 262 (1995) に記載されるアッセイに準じた方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃ に至適温度を有していた。

【0305】

(実施例30:PCNA)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされる PCNA (Proliferating Cell Nuclear Antigen ; 増殖性細胞核抗原) を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれ PCR を用いて増幅し、プラスミド pET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0306】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有する NZCYM 培地 (1% NZ アミン、0.5% NaCl、0.5% イーストエキス、0.1% カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH 7)) に接種し、 37°C で OD660 が 0.4 になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに 4 時間 37°C で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を 80°C で 15 分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗タンパク質溶液とした。

【0307】

この粗タンパク質溶液を、Methods in Enzymology 262 (1995) に記載されるアッセイに準じた方法に従って測定したところ、この粗タンパク質が標記タンパク質であることが確認された。また、このタンパク質は、 90°C に至適温度を有していた。

【0308】

(実施例31:インドールピルベートフェレドキシンオキシドレダクターゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるインドールピルベートフェレドキシンオキシドレダクターゼ (配列番号 245、291、658、659、660、661、704、941、1036、1037

、1295、1297、1338、1683、1685、1686、1725、1827、2012、2147)を*Escherichia coli*内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0309】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH7)) に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0310】

この粗酵素溶液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店 (1982) に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0311】

(実施例32: グルタミンシンセターゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるグルタミンシンセターゼ (配列番号627) を*Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21 (DE3) 株

を形質転換した。

【0312】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH7)) に接種し、 37°C でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間 37°C で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を 80°C で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0313】

この粗酵素溶液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店 (1982) に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、 90°C に至適温度を有していた。

【0314】

(実施例33：アントラニレートホスホシルトランスフェラーゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるアントラニレートホスホシルトランスフェラーゼ (配列番号394、1767) を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0315】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH7)) に接種し、 37°C でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル

ー β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0316】

この粗酵素溶液を基質として丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店(1982)に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0317】

(実施例34:コピリン酸シンターゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるコピリン酸シンターゼ(配列番号137、1904)を*Escherichia coli*内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a(+)(Novagen)に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21(DE3)株を形質転換した。

【0318】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン(50 μ g/ml)を含有するNZCYM培地(1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ (pH7))に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピルー β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0319】

この粗酵素溶液をMethods in Enzymology, Academic Pressに記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0320】

(実施例35: ホスホリボシルアントラニレートイソメラーゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるホスホリボシルアントラニレートイソメラーゼ(配列番号44)を*Escherichia coli*内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a(+) (Novagen)に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21(DE3)株を形質転換した。

【0321】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン(50 μ g/ml)を含有するNZCYM培地(1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ (pH7))に接種し、37℃でOD660が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド(IPTG、0.1 mM)を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0322】

この粗酵素溶液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店(1982)に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0323】

(実施例36: コバラミンシンターゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるコ

バラミンシンターゼ（配列番号181、910、1720、1973）を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a（+）（Novagen）に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21（DE3）株を形質転換した。

【0324】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン（ $50\mu\text{g}/\text{ml}$ ）を含有するNZCYM培地（1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ （pH7））に接種し、 37°C でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド（IPTG、0.1 mM）を添加し、さらに4時間 37°C で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を 80°C で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0325】

この粗酵素溶液をMethods in Enzymology, Academic Pressに記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、 90°C に至適温度を有していた。

【0326】

（実施例37：インドール-3-グリセロール-ホスフェートシンターゼ）

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるインドール-3-グリセロール-ホスフェートシンターゼ（配列番号772）を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a（+）（Novagen）に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21（DE3）株を形質転換した。

【0327】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH7)) に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0328】

この粗酵素溶液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店 (1982) に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0329】

(実施例38：トリプトファンシンターゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるトリプトファンシンターゼ (配列番号395、774、954、2032) を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0330】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH7)) に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さら

に4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0331】

この粗酵素溶液をそれぞれについて丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店（1982）に記載の方法に従って測定したところ、それぞれの酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0332】

（実施例39：リボースホスフェートピロホスホキナーゼ）

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるリボースホスフェートピロホスホキナーゼ（配列番号701）を*Escherichia coli*内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a（+）（Novagen）に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21（DE3）株を形質転換した。

【0333】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン（50 μ g/ml）を含有するNZCYM培地（1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2%MgSO₄・7H₂O（pH7））に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド（IPTG、0.1 mM）を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0334】

この粗酵素溶液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店（1

982)に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0335】

(実施例40:グルタメートシンターゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるグルタメートシンターゼ(配列番号1578)を*Escherichia coli*内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a(+)(Novagen)に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21(DE3)株を形質転換した。

【0336】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン(50 μ g/ml)を含有するNZCYM培地(1%NZアミン、0.5%NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2%MgSO₄·7H₂O(pH7))に接種し、37℃でOD660が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド(IPTG、0.1mM)を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0337】

この粗酵素溶液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店(1982)に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0338】

(実施例41:オロチジン-5'-モノホスフェートデカルボキシラーゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるオロチジン-5'-モノホスフェートデカルボキシラーゼ(配列番号1096)を

*Escherichia coli*内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0339】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH7)) に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0340】

この粗酵素溶液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店 (1982) に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0341】

(実施例42: アントラニレートシンターゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるアントラニレートシンターゼ (配列番号43および773) を*Escherichia coli*内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0342】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH7)) に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0343】

この粗酵素溶液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店 (1982) に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0344】

(実施例43：アスパルチル-tRNA-シンセターゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるアスパルチル-tRNA-シンセターゼ (配列番号808) を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0345】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH7)) に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、

超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を 80℃で 15 分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0346】

この粗酵素溶液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店（1982）に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0347】

（実施例 44：フェニルアラニル-tRNA-シンセターゼ）

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるフェニルアラニル-tRNA-シンセターゼ（配列番号 506 および 878）を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれ PCR を用いて増幅し、プラスミド pET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0348】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン (50 μ g/ml) を含有する NZCYM 培地 (1% NZ アミン、0.5% NaCl、0.5% イーストエキス、0.1% カザミノ酸、0.2% $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ (pH 7)) に接種し、37℃で OD660 が 0.4 になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに 4 時間 37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を 80℃で 15 分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0349】

この粗酵素溶液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店（1982）に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、

この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0350】

(実施例45: シャペロニン)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるシャペロニンA (配列番号1368) およびシャペロニンB (配列番号721) を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0351】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン (50 μ g/ml) を含有するNZCYM培地 (1% NZアミン、0.5% NaCl、0.5% イーストエキス、0.1% カザミノ酸、0.2% $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ (pH7)) に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗タンパク質液とした。

【0352】

この粗タンパク質溶液をFrydman, J. et al. (1994) *Nature* 370, 111. に記載される方法に従って測定したところ、このタンパク質としての活性が確認された。また、このタンパク質は、90℃でも安定であった。

【0353】

(実施例46: TATA結合タンパク質)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるTATA結合タンパク質 (配列番号31) を *Escherichia coli* 内

で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0354】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH7)) に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗タンパク質液とした。

【0355】

この粗タンパク質溶液をMethods in Enzymology, Academic Pressに記載される方法に従って測定したところ、このタンパク質としての活性が確認された。また、このタンパク質は、90℃でも安定であった。

【0356】

(実施例47: TBP相互作用タンパク質)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるTBP相互作用タンパク質 (配列番号1289) を*Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0357】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH7)) に接種し、 37°C でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間 37°C で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を 80°C で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗タンパク質液とした。

【0358】

この粗タンパク質溶液をMethods in Enzymology, Academic Pressに記載される方法に従って測定したところ、このタンパク質としての活性が確認された。また、このタンパク質は、 90°C に至適温度を有していた。

【0359】

(実施例48: RNアーゼHII)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるRNアーゼHII (配列番号856) をEscherichia coli内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いてEscherichia coli BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0360】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH7)) に接種し、 37°C でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル

— β —D—チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0361】

この粗酵素溶液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店 (1982) に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0362】

(実施例49：ヒドロゲナーゼ成熟因子)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるヒドロゲナーゼ成熟因子 (配列番号1144、1154、1156、1516、1518、1519、1869および1871) を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミド pET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0363】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン (50 μ g/ml) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ (pH7)) に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル— β —D—チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗タンパク質液とした。

【0364】

この粗タンパク質溶液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店（1982）に記載の方法に従って測定したところ、タンパク質活性が確認された。また、このタンパク質は、90℃に至適温度を有していた。

【0365】

（実施例50：Lonプロテアーゼ）

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるLonプロテアーゼ（配列番号929）を*Escherichia coli*内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a（+）（Novagen）に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21（DE3）株を形質転換した。

【0366】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン（50 μ g/ml）を含有するNZCYM培地（1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ （pH7））に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド（IPTG、0.1 mM）を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0367】

この粗酵素溶液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店（1982）に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0368】

（実施例51：チオールプロテアーゼ）

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるチオールプロテアーゼを *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0369】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH7)) に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0370】

この粗酵素溶液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店 (1982) に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0371】

(実施例52：フラゲリン)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるフラゲリン (配列番号11、350、351、727および728) を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0372】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH7)) に接種し、 37°C でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間 37°C で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を 80°C で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗タンパク質液とした。

【0373】

この粗タンパク質溶液を Aldridge P, Hughes KT., Curr Opin Microbiol. 2002 Apr;5(2):160-5またはそれに記載される文献に示される方法に従って測定したところ、タンパク質活性が確認された。また、このタンパク質は、 90°C に至適温度を有していた。

【0374】

(実施例53: スブチリシン様プロテアーゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるスブチリシン様プロテアーゼ (配列番号979) を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0375】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH7)) に接種し、 37°C でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル

— β —D—チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0376】

この粗酵素溶液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店(1982)に記載の方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0377】

(実施例54：細胞分裂制御タンパク質A)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされる細胞分裂制御タンパク質A(配列番号1369)を*Escherichia coli*内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a(+)(Novagen)に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21(DE3)株を形質転換した。

【0378】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン(50 μ g/ml)を含有するNZCYM培地(1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ (pH7))に接種し、37℃でOD660が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル— β —D—チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗タンパク質液とした。

【0379】

この粗タンパク質溶液を用いて細胞分裂制御の活性を確認したところ、タンパク質活性が確認された。また、このタンパク質は、90℃に至適温度を有していた。

【0380】

(実施例55: エンドヌクレアーゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるエンドヌクレアーゼ(配列番号547、697、900、1450、1702、1716、1731、2010)を*Escherichia coli*内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、それぞれPCRを用いて増幅し、プラスミドpET21a(+)(Novagen)に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて*Escherichia coli* BL21(DE3)株を形質転換した。

【0381】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン(50 μ g/ml)を含有するNZCYM培地(1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ (pH7))に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド(IPTG、0.1 mM)を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗酵素液とした。

【0382】

この粗酵素液を丸尾文治、田宮信雄監修、酵素ハンドブック、朝倉書店(1982)に記載のエンドヌクレアーゼアッセイに準じた方法に従って測定したところ、酵素活性が確認された。また、この酵素は、90℃に至適温度を有していた。

【0383】

(実施例 56：フェレドキシン)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるフェレドキシン（配列番号 253）を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、PCR を用いて増幅し、プラスミド pET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21 (DE3) 株を形質転換した。

【0384】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有する NZCYM 培地 (1% NZ アミン、0.5% NaCl、0.5% イーストエキス、0.1% カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH 7)) に接種し、 37°C で OD660 が 0.4 になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに 4 時間 37°C で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を 80°C で 15 分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗タンパク質液とした。

【0385】

この粗タンパク質液を丸尾文治、田宮信雄監修、タンパク質ハンドブック、朝倉書店 (1982) に記載の方法に従って測定したところ、タンパク質活性が確認された。また、このタンパク質は、 90°C に至適温度を有していた。

【0386】

(実施例 57：エキソ- β -D-グルコサミニダーゼ)

本発明によって得られたオープンリーディングフレームによりコードされるエキソ- β -D-グルコサミニダーゼ（配列番号 1902）を *Escherichia coli* 内で発現させるために、以下の操作を実施した。これらのオープンリーディングフレームを含むフラグメントを、PCR を用いて増幅し、プラスミド pET21a (+) (Novagen) に挿入して、発現プラスミドを得た。このプラスミドを用いて *Escherichia coli* BL21 (DE

3) 株を形質転換した。

【0387】

出現したアンピシリン耐性形質転換体をアンピシリン ($50 \mu\text{g}/\text{ml}$) を含有するNZCYM培地 (1%NZアミン、0.5% NaCl、0.5%イーストエキス、0.1%カザミノ酸、0.2% $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (pH7)) に接種し、37℃でOD660 が0.4になるまで培養し、次いでイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG、0.1 mM) を添加し、さらに4時間37℃で培養を継続した。培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、超音波処理により破碎し、これを再度遠心分離することにより細胞抽出液を得た。この細胞抽出液を80℃で15分間加熱し、次いで遠心分離して上清を得、これを粗タンパク質液とした。

【0388】

この粗タンパク質液を丸尾文治、田宮信雄監修、タンパク質ハンドブック、朝倉書店 (1982) に記載の方法に従って測定したところ、タンパク質活性が確認された。また、このタンパク質は、90℃に至適温度を有していた。

【0389】

【発明の効果】

生物のゲノムの任意の場所で効率よく確実な遺伝子ターゲティングの方法およびそのためのキットを提供することができた。また、*Thermococcus kodakaraensis* KOD1のゲノム全配列情報、およびそこに含まれる遺伝子の情報もまた提供される。

【0390】

【配列表】

【図面の簡単な説明】

【図1】

ダブルクロスオーバー破壊の概念図である。

【図2】

ダブルクロスオーバー破壊で用いたLinear DNAの構造の模式図である。

【図 3】

シングルクロスオーバー破壊の概念図である。

【図 4】

ゲノムの構成を示す図である。

【図 5】

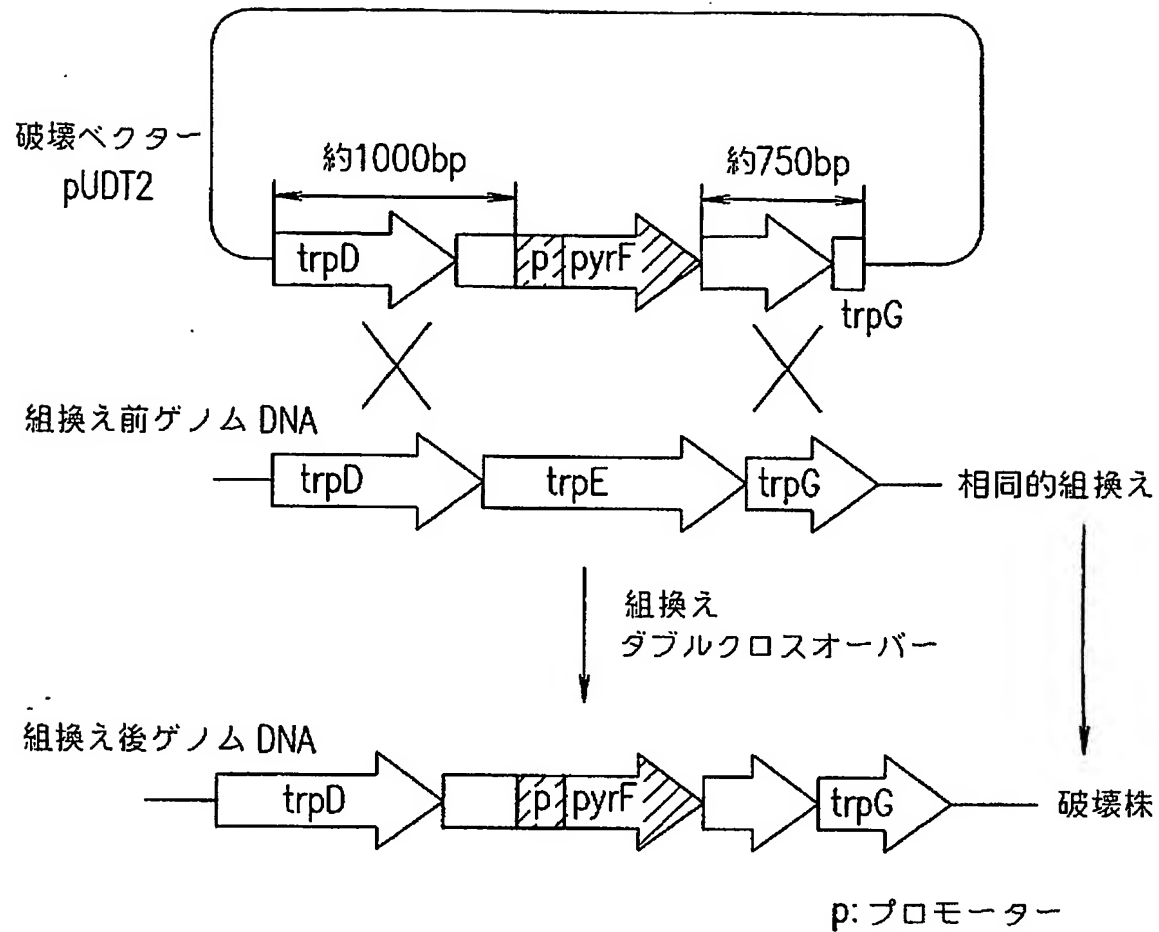
ゲノムの構成を示す別の図である。

【図 6】

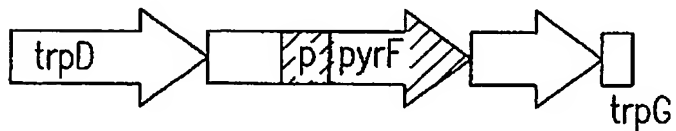
ゲノムの構成を示す別の図である。

【書類名】 図面

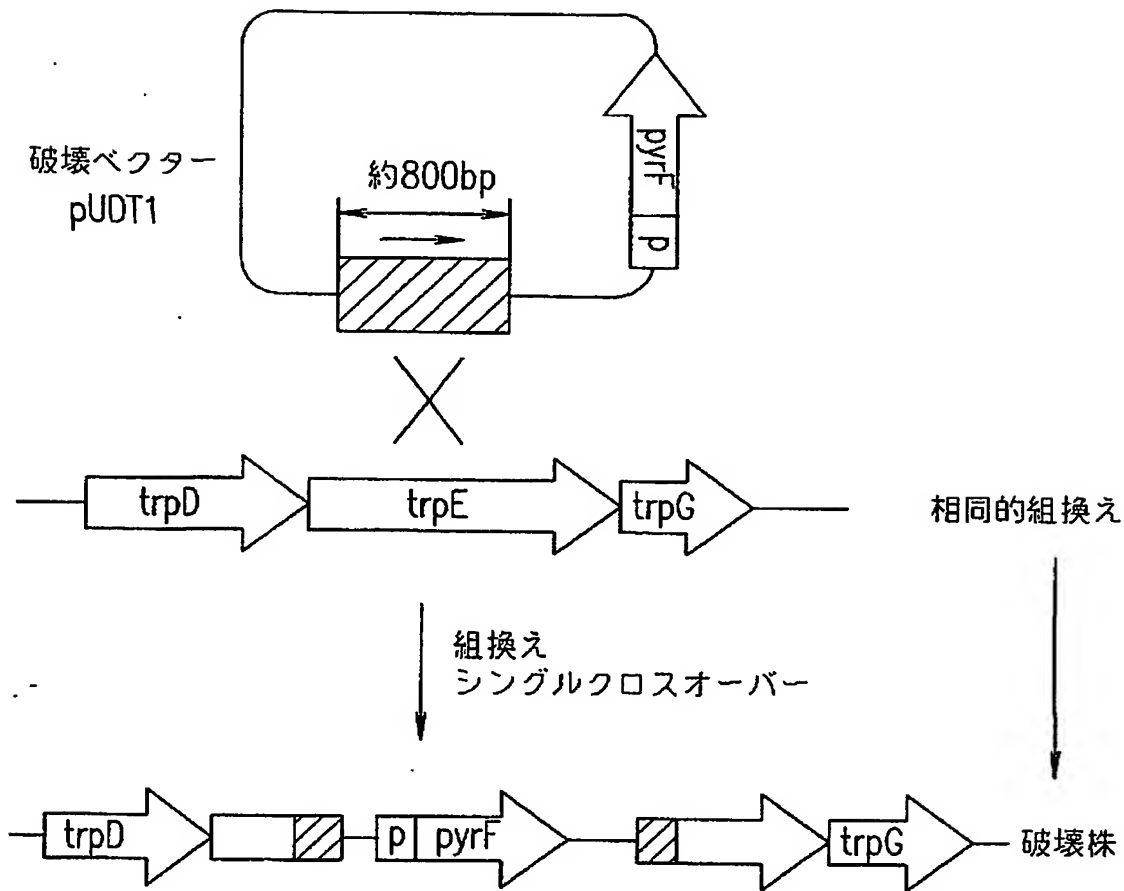
【図1】



【図2】



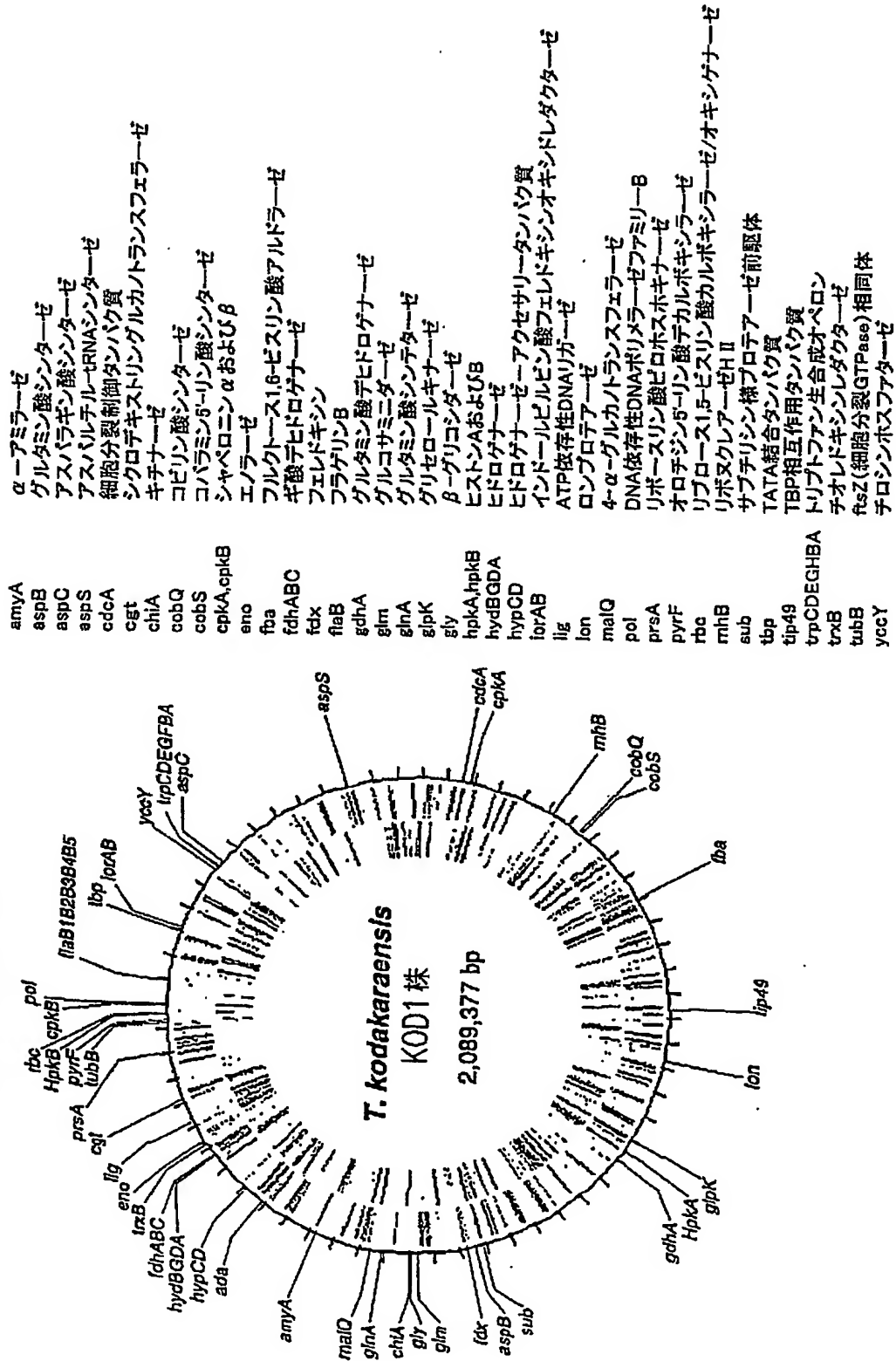
【図 3】



【図 4】

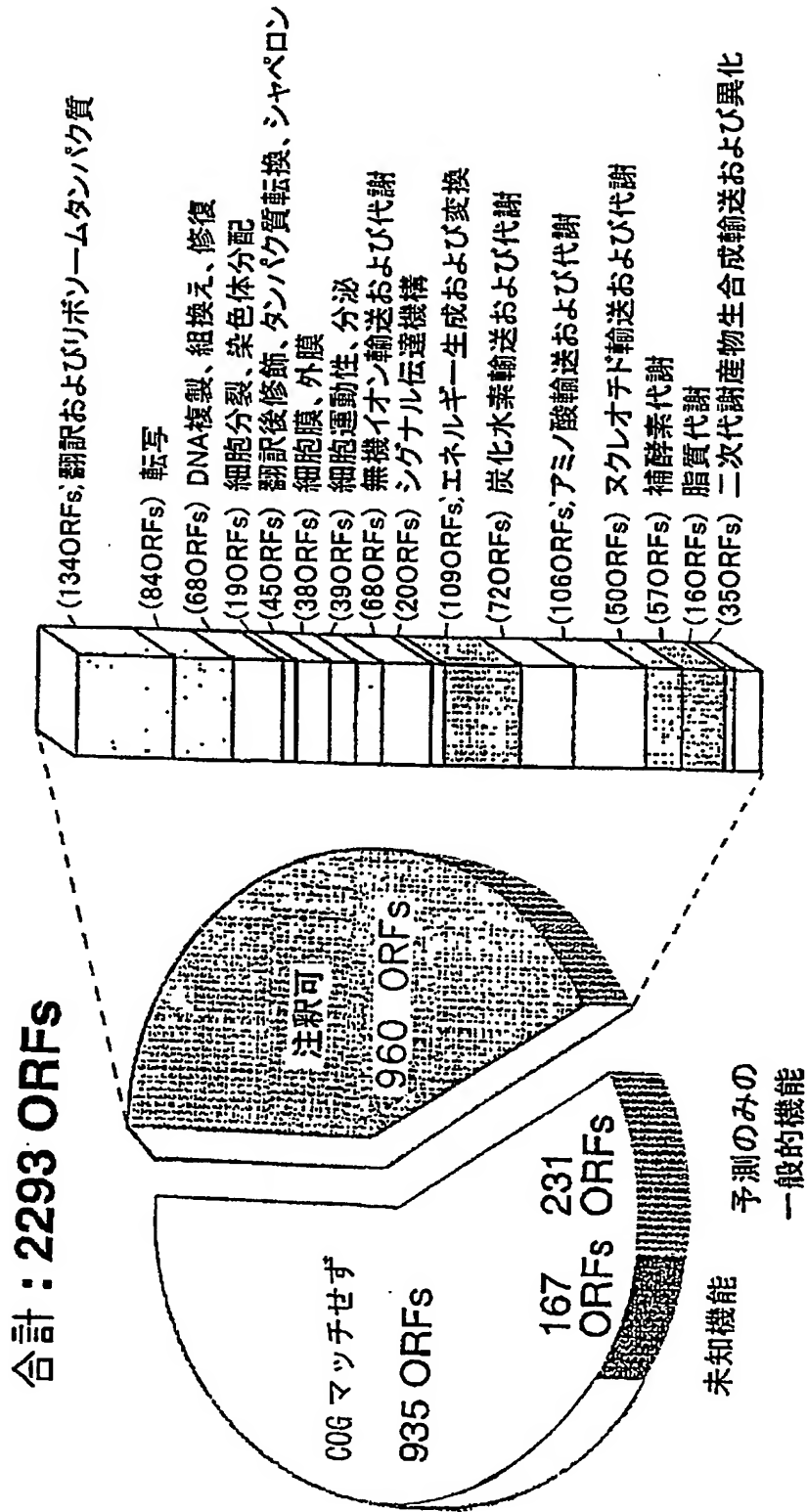
Thermococcus kodakaraensis KOD1

ゲノムプロジェクト



【図 5】

T. kodakaraensis KOD1 ゲノムにおける ORF のクラスタリング



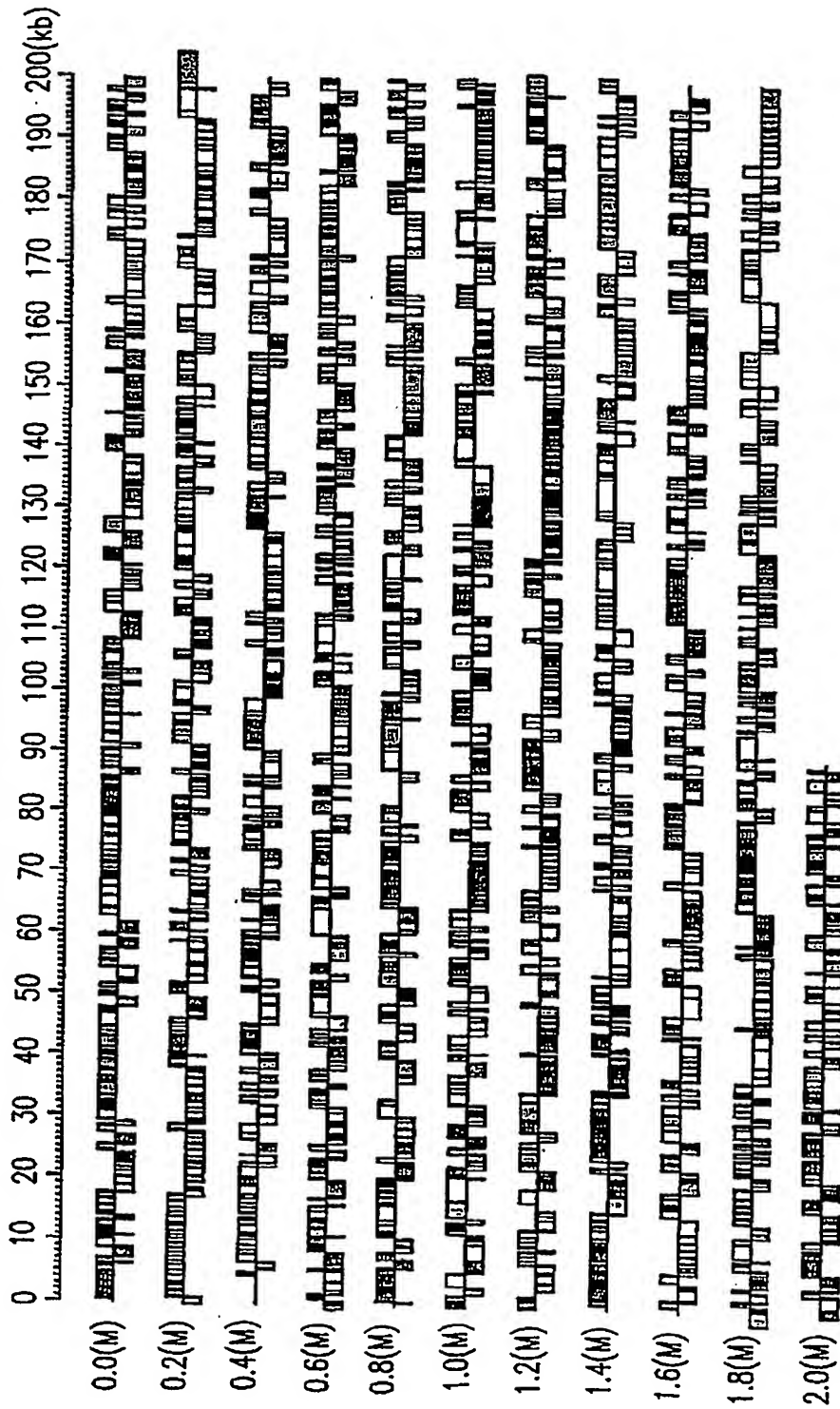
【図 6】

I. kodakaraensis KOD1 ゲノムの ORF マップ

ORFs: 2293

平均遺伝子長: 817.2bp

合計ゲノムの 89.7% をカバー



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】

生物のゲノムの任意の場所で効率よく確実な遺伝子ターゲティングの方法およびそのためのキットを提供すること。

【解決手段】

生物のゲノムにおける任意の遺伝子をターゲティング破壊するための方法であって、1) 該生物のゲノムの全配列の情報を提供する工程；2) 該配列の任意の少なくとも1つの領域を選択する工程；3) 該選択された領域と相同な配列、およびマーカー遺伝子を含むベクターを提供する工程；4) 該ベクターで該生物を形質転換する工程；および5) 該生物を相同的組換えが生じる条件下に配置する工程、を包含する、方法。

【選択図】 図1

認定・付加情報

特許出願の番号	特願 2002-319011
受付番号	20208100001
書類名	特許願
担当官	宇留間 久雄 7277
作成日	平成14年11月 5日

<認定情報・付加情報>

【提出された物件の記事】

【提出物件名】	CD-R 長大案件	1
---------	-----------	---

次頁無

特願 2002-319011

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号

[396020800]

1. 変更年月日

1998年 2月24日

[変更理由]

名称変更

住 所

埼玉県川口市本町4丁目1番8号

氏 名

科学技術振興事業団